

# **Desarrollo de una Herramienta de Procesamiento de Imágenes Médicas en MATLAB y su Integración en Medical GiD**

Giovana Gavidia<sup>1</sup>  
Miguel Cerrolaza<sup>1</sup>  
Eugenio Oñate<sup>2</sup>  
Eduardo Soudah<sup>2</sup>  
Jorge Suit Ronda<sup>2</sup>

<sup>1</sup> Instituto Nacional de Bioingeniería (INABIO), Universidad Central de Venezuela

<sup>2</sup> Centro Internacional de Métodos Numéricos en Ingeniería (CIMNE), Área de Biomedicina

## Resumen

El rápido avance de las tecnologías de adquisición de imágenes médicas ha hecho necesario el desarrollo de diversas aplicaciones en el área de la biomedicina.

Por un lado, el trabajo que los médicos desarrollan en cuanto al análisis de las imágenes, es arduo y sujeto a errores, por lo que se hace necesaria la implementación de algoritmos de procesamiento que automaticen esta tarea y sirvan de soporte a los profesionales de la salud para realizar un diagnóstico fiable. Por otro lado, los biomédicos dedicados al modelado y simulación del cuerpo humano y el diseño de prótesis e implantes para tratamiento médico, requieren de modelos geométricos que consideren la complejidad característica de las estructuras anatómicas del cuerpo humano y les permita realizar un modelado discreto más preciso.

Es por esto, que la comunidad de biomédicos, particularmente el área de analistas de imágenes médicas, hoy en día, dedican sus esfuerzos a extraer con ayuda del ordenador, información clínica, cualitativa y cuantitativa de las estructuras del cuerpo humano: tejidos blandos, duros, fluidos y sus patologías a partir del procesamiento de imágenes médicas de diversas modalidades: Tomografía Computarizada, Resonancia Magnética, Medicina Nuclear, entre otras.

Sin embargo, la tarea de procesar las imágenes médicas y visualizar estructuras anatómicas a partir de ellas, se ve afectada en un principio por (a) la presencia de ruido y artefactos ocasionados por el proceso de adquisición que afectan la calidad de estas imágenes, (b) la presencia de detalles anatómicos y funcionales que a simple vista son difíciles de ver, y (c) la difícil tarea de segmentar estructuras tan complejas como los tejidos duros y blandos del ser humano.

En este informe, se presenta los avances alcanzados en el desarrollo e implementación de una herramienta de software en su versión prototipo para el procesamiento de imágenes médicas y la obtención de modelos geométricos, realizado durante la estancia de investigación de postgrado en el área de Biomedicina del Centro Internacional de Métodos Numéricos en Ingeniería (CIMNE), con el apoyo y la orientación de Eduardo Soudah y Jorge Suit Pérez, investigadores del centro. La herramienta fue desarrollada en *Matrix Laboratory* (MATLAB) [1] con la integración de librerías de código libre proporcionadas por *Insight Segmentation and Registration Toolkit* (ITK) [2] a través de *Matlab and ITK* (MATITK) [3] y *Visualization Toolkit* (VTK) [4]. Los resultados obtenidos fueron almacenados en un formato de archivo legible por el software GiD [5] con la finalidad de realizar un postprocesamiento de los modelos geométricos y generar modelos discretos para un posterior análisis a través de los métodos numéricos. Asimismo se utilizaron otras herramientas de visualización para validar los modelos geométricos obtenidos como el software de código libre ParaView [6].

El informe se ha dividido en cinco secciones. En la sección 1, se describe el objetivo general y los objetivos específicos planteados. En la sección 2, se detallan las funcionalidades desarrolladas e implementadas en esta herramienta, guiados por los principales procesos implicados en el procesamiento de imágenes médicas: La adquisición y lectura de las imágenes médicas; el filtrado o mejora de las imágenes para reducir ruido, acentuar detalles de interés, etc.; segmentación o extracción de regiones de interés en 2D y 3D para su posterior análisis; y la visualización de las regiones segmentadas en vistas adecuadas (volumen, superficie, malla) para su manipulación por parte del usuario. En la sección 3, se presentan los resultados obtenidos al aplicar los procesos mencionados anteriormente en tres casos diferentes:

Primer caso: Segmentación y visualización del ventrículo izquierdo, músculo miocardio y posible cicatriz isquémica en pacientes con cardiopatía isquémica para el posterior análisis numérico de la patología. Segundo caso: Segmentación y visualización de imágenes de Tomografía Computarizada craneofaciales para obtener el volumen del hueso mandibular y maxilar en los que se realice un análisis numérico que permita aplicar procesos quirúrgicos para el tratamiento de patologías. Tercer caso: Procesamiento de imágenes de mamografía, para localizar y visualizar áreas sospechosas y microcalcificaciones en las glándulas mamarias que faciliten al médico un diagnóstico de ciertas patologías. En las secciones 4 y 5 se presentan las conclusiones y propuestas de trabajos futuros, respectivamente.

Los resultados obtenidos nos permitieron validar algoritmos y librerías que serán posteriormente incorporadas a través de nuevos módulos en el software en etapa de desarrollo Medical GiD.

## **1. Objetivos**

### **1.1. Objetivo General.**

Desarrollo de una herramienta computacional para el procesamiento de imágenes médicas y la obtención de modelos geométricos de órganos, estructuras y patologías del ser humano. El desarrollo de esta herramienta fue realizado a través de la implementación de algoritmos de desarrollo propio y la integración de librerías de código libre a través de ITK [2], MATITK [3] y VTK [4].

### **1.2. Objetivos Específicos.**

- a. Integración de librerías de filtrado y segmentación de ITK y MATITK en MATLAB.
- b. Desarrollo e implementación de nuevos algoritmos de filtrado y segmentación en MATLAB.
- c. Integración en MATLAB de algoritmos de visualización proporcionados por VTK.
- d. Desarrollo de una interfaz de usuario a través del GUIDE de MATLAB para la manipulación de los algoritmos implementados.
- e. Implementación de algoritmos que realicen la exportación de los modelos geométricos obtenidos (órganos, estructuras y patologías segmentadas) en formato legible por GiD para la posterior discretización de los modelos.
- f. Aplicación de la herramienta desarrollada en el estudio de tejidos blando, duros y sus patologías.

## 2. Funcionalidades de la herramienta.

La herramienta ha sido implementada en *Matrix Laboratory* (MATLAB) [1] a través del desarrollo de algoritmos propios, la integración de librerías de código libre de ITK [2], MATITK [3] y VTK [4] y el desarrollo de una interfaz de usuario empleando el GUIDE de MATLAB [1].

Para el procesamiento de las imágenes médicas se implementaron una serie de procesos que ejecutados en conjunto permitieron la obtención de resultados prometedores y que son presentados en la sección 3. Estos procesos son: La adquisición y lectura de las imágenes médicas; el filtrado ó mejora de las imágenes para reducir ruidos, mejorar contraste, etc.; la segmentación ó extracción de regiones de interés en 2D y 3D para su posterior análisis; y visualización de las regiones segmentadas en vistas adecuadas (volumen y superficie) para su manipulación por parte del usuario final.

En la figura 1 se presenta un esquema de los procesos implementados y su interrelación entre sí. Un proceso posterior a la obtención de la geometría del tejido u órgano requerido, es la realización de un análisis cualitativo y cuantitativo a través de los métodos numéricos. Este proceso aún no ha sido implementado y se considera un trabajo futuro.

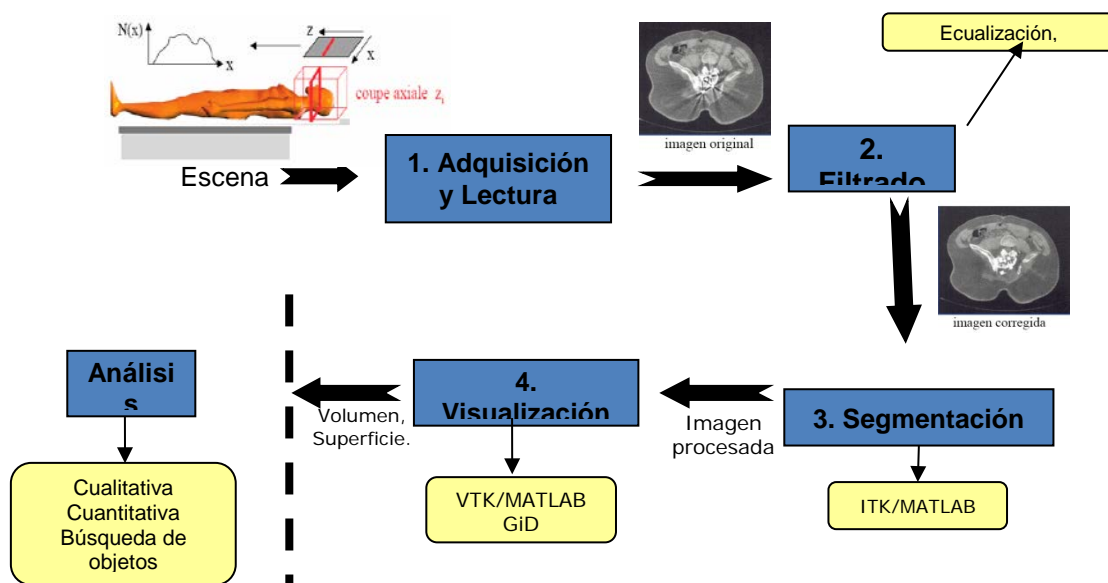


Figura 1: Diagrama de flujo de la herramienta

### 2.1. Adquisición y lectura de imágenes médicas

Las necesidades de almacenamiento y manipulación de imágenes médicas surge a partir de los años 70's como consecuencia del nacimiento de la tomografía computarizada (TC) como medio de diagnostico basado en imágenes digitales. Desde entonces, se han desarrollado diferentes técnicas en la adquisición de imágenes en diferentes modalidades: Medicina nuclear (MN), la resonancia magnética (RM), la radiografía computarizada (RC) y la angiografía por sustracción digital (ASD), entre otras. Estas técnicas han contribuido a la generación de diferentes tipos de imágenes médicas digitales para diagnóstico.

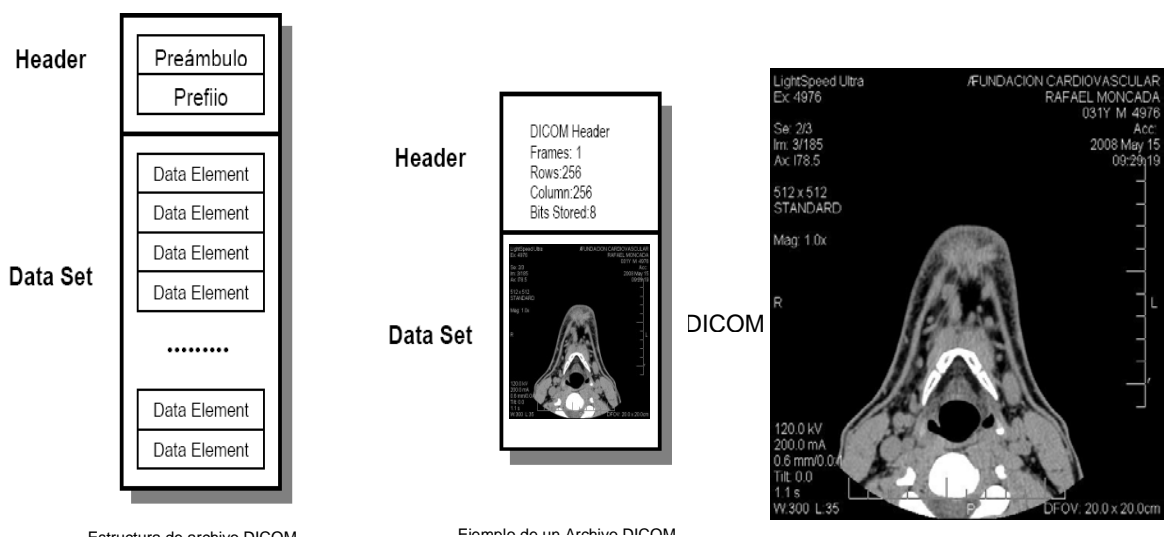
## Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM)

DICOM es un estándar desarrollado en 1983 como iniciativa del Colegio Estadounidense de Radiología (ACR) y la Asociación Nacional de Fabricantes Eléctricos (NEMA) [7].

Este estándar describe el formato de archivos y la especificación de los datos primordiales de un paciente en la imagen así como el encabezado requerido, describiendo un lenguaje común a distintos sistemas médicos. Además de los atributos de la imagen normal o comprimida, se agregan datos demográficos y de identificación del paciente, información acerca de las condiciones de adquisición y, en algunos casos, información del examen, serie a la que pertenece la imagen y orden que guarda en un estudio. De esta forma las imágenes vienen acompañadas de mediciones, cálculos e información descriptiva relevante para diagnósticos.

El formato genérico de archivo DICOM contiene dos partes: Header seguido inmediatamente por un Data Set de DICOM. El Data Set de DICOM contiene la imagen o las imágenes especificadas. El Header contiene sintaxis de transferencia UID (identificador único) que especifica la codificación y la compresión del Data Set [7].

En la figura 2 se muestra el formato genérico de un archivo DICOM.



## Lectura y representación de imágenes médicas

Los datos de una imagen médica pueden ser representados a partir de una imagen ó corte (slice) bidimensional (2D) ó a partir de una pila de imágenes bidimensionales, en este caso hablamos de datos volumétricos.

Una imagen 2D (slice) representa una sección escaneada del cuerpo que está compuesta por un conjunto de elementos básicos. Cada uno de estos elementos es llamado pixel (*picture element*) y están distribuidos a lo largo de un grid en las direcciones horizontal (*x*) y vertical (*y*) que tienen distancias idénticas.

La data volumétrica combina imágenes 2D en una representación 3D, en donde cada elemento básico es llamado voxel (*volumetric pixel*). Cada voxel está distribuido en un grid 3D, en donde además de las direcciones *x*, *y*, ahora tenemos una nueva dirección *z* que representa la profundidad.

En esta herramienta se ha implementado la lectura de slices ó cortes ortogonales en formato DICOM [7] y en otros formatos como \*.jpg, \*.bmp y \*.png. En MATLAB [1] una imagen bidimensional a escala de grises es representada por medio de una matriz bidimensional de  $m \times n$  en donde  $n$  representa el número de píxeles de ancho y  $m$  en número de píxeles de largo y cada elemento de la matriz almacena información de los niveles de intensidad de gris en la imagen. El elemento  $V_{11}$  corresponde al elemento de la esquina superior izquierda, ver figura 3a. La imagen tridimensional es obtenida con el apilamiento de cada corte ortogonal a lo largo de un eje de profundidad  $z$ . En este caso, MATLAB almacena la imagen en una matriz tridimensional de  $m \times n \times o$ , ver figura 3b.

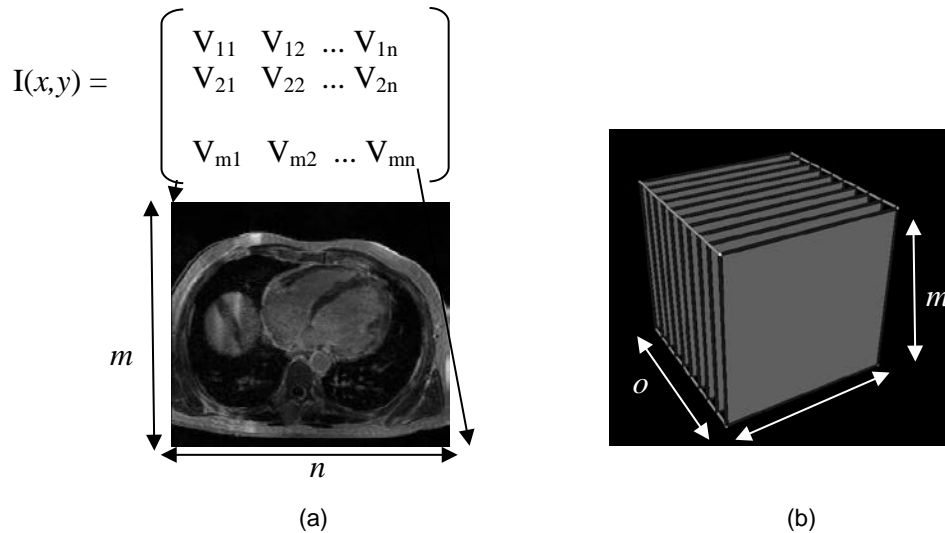


Figura 3: Representación de imagen a escala de grises en MATLAB. (a) Imagen bidimensional. (c) Imagen tridimensional.

El procesamiento de las imágenes se lleva a cabo procesando los valores de niveles de gris contenido en la matriz que representa la imagen.

## 2.2. Filtrado de imágenes

El filtrado es una etapa muy importante en el procesamiento de imágenes médicas. Su principal objetivo es mejorarla y corregir artefactos o ruido que se haya sumado durante su adquisición por causa del paciente o por el proceso de transmisión en el equipo médico.

El filtrado se puede clasificar en dos grupos: Filtrado basado en píxeles y filtrado basado en regiones. En [8] se explica con mayor detalle las principales técnicas de filtrado para mejorar imágenes médicas.

- a) **Filtrado basado en píxeles.** Consiste en modificar el valor de un píxel sin involucrar a los píxeles vecinos a través de un barrido píxel por píxel, para ello se utiliza la información del histograma de la imagen (ver figura 4). El histograma es un gráfico bidimensional que representa la distribución de los valores de intensidad de los píxeles presentes en la imagen.

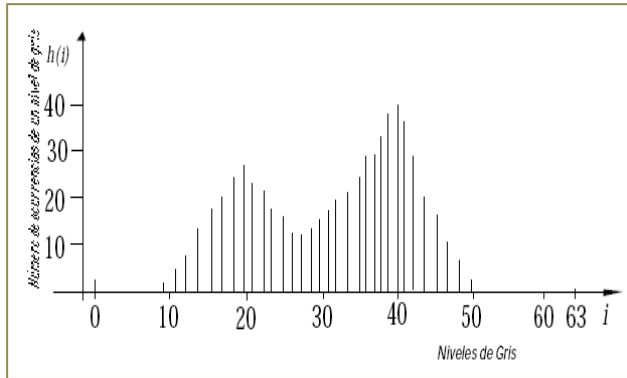


Figura 4: Histograma bidimensional de una imagen.

**b) Filtrado basado en regiones.** Se utiliza un grupo de píxeles llamado vecindad para extraer información y modificar el valor de cada píxel del grupo. Este proceso se lleva a cabo a través de la convolución de una máscara o matriz a cada región de la imagen (ver figura 5).

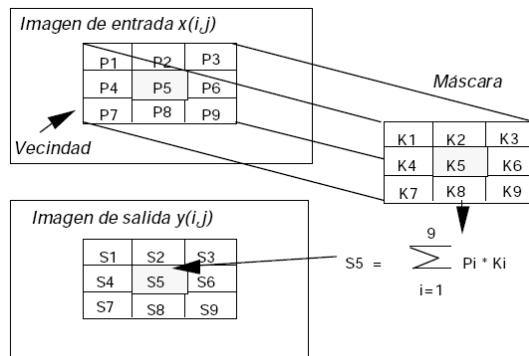


Figura 5: Proceso de convolución de una máscara 3 x 3 por una región ó vecindad de una imagen.

Los filtros implementados en la herramienta se muestran en la figura 6 y serán comentados en las siguientes secciones presentando los resultados obtenidos luego de su aplicación en imágenes médicas.

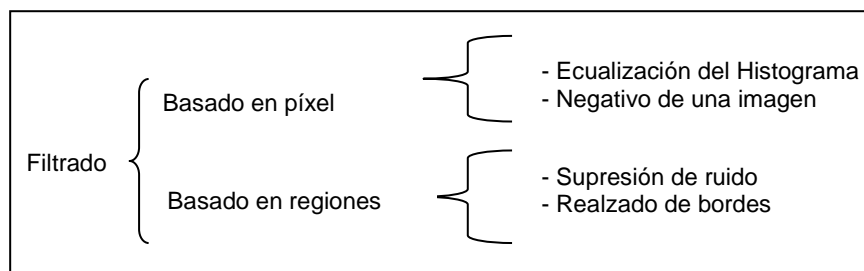


Figura 6: Filtros implementados en la herramienta.

### 2.2.1. Ecualización del histograma.

Consiste en distribuir la frecuencia de los niveles de gris de manera más uniforme para que los cambios sutiles en la intensidad de la imagen sean más notables. La figura 7 se presenta el resultado de ecualizar una imagen de resonancia magnética cardiovascular.

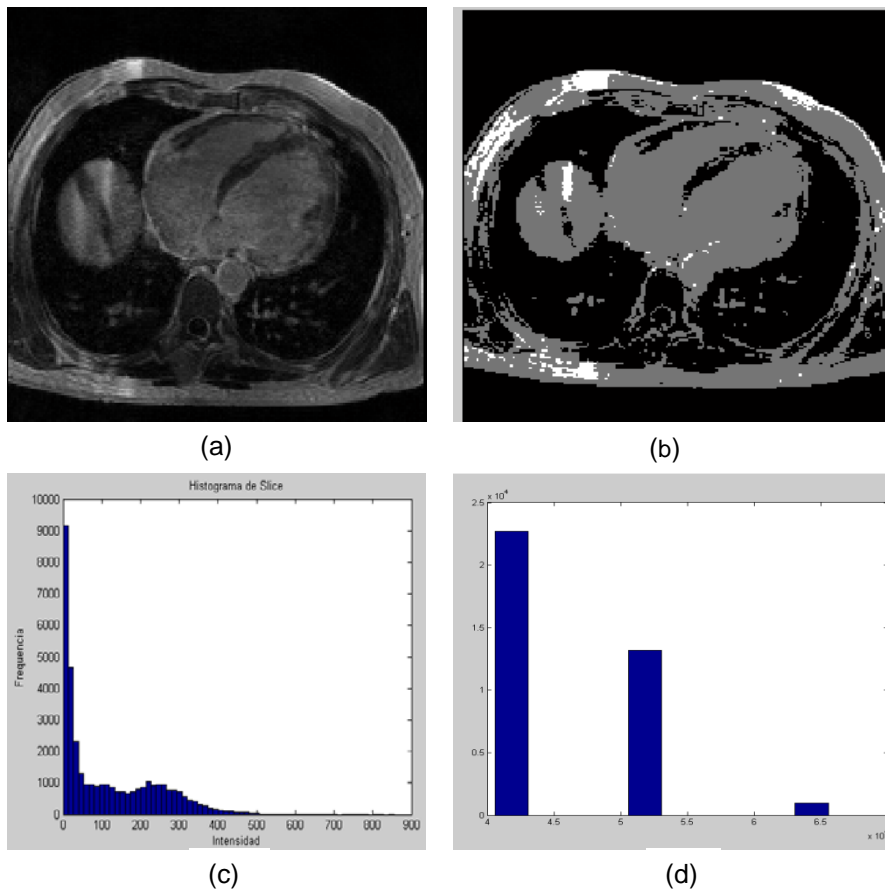


Figura 7: Ecualización del histograma de una RM cardiovascular. (a) Imagen Original. (b) Imagen ecualizada. (c) Histograma de la imagen original. (d) Histograma de la imagen ecualizada.

### 2.2.2. Negativo de una imagen.

Esta técnica consiste en convertir aquellas porciones de la imagen que son claras en oscuras y las que son oscuras en claras. Es útil cuando se quiere apreciar los detalles en las porciones brillantes de una imagen porque el ojo humano tiene mayor capacidad de discernir los detalles en las áreas oscuras de una imagen que en las áreas más brillantes. Para ello se resta a cada pixel el máximo valor posible de intensidad.

En la figura 8 se observa el resultado de aplicar negativo en una RM cardiovascular.



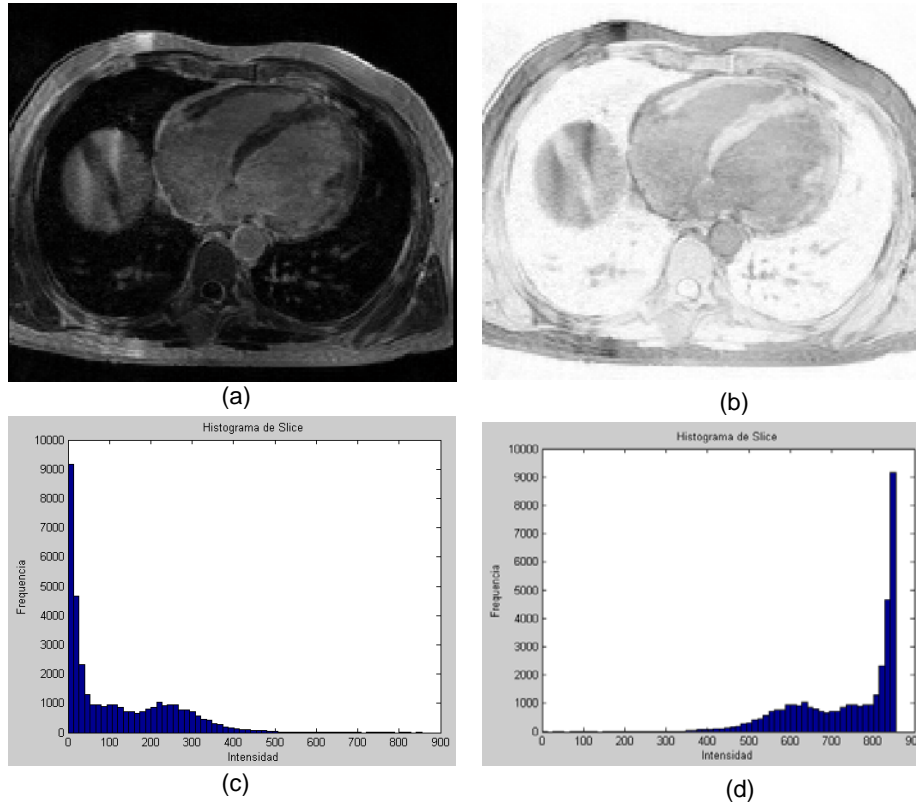


Figura 8: Negación de RM cardiovascular. (a) Imagen Original. (b) Negativo de la imagen original. (c) Histograma de la imagen original. (d) Histograma de la imagen negativo.

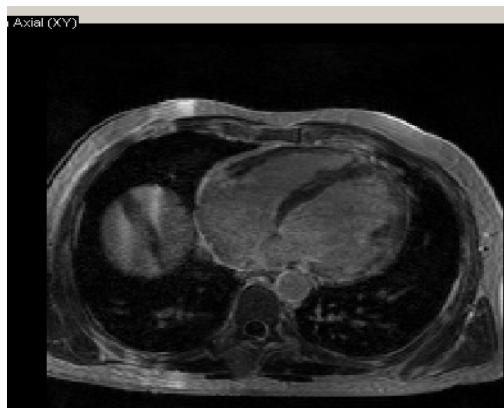
### 2.2.3. Supresión de ruido

Esta técnica es empleada en el procesamiento de imágenes médicas en vista de que el ruido es uno de los principales problemas de este tipo de imágenes. En esta herramienta se ha implementado algunos filtros de reducción de ruido y son empleados como parte de un pipeline para tareas específicas de segmentación, como se verá en la sección 3.

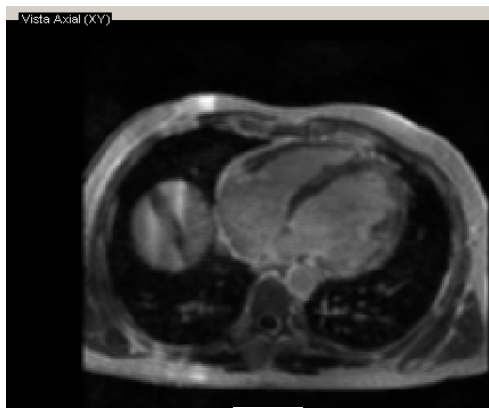
Los filtros para supresión de ruido implementados son:

- Filtro Promedio
- *CurvatureAnsioFilter* [2]
- *CurvatureFlowFilter* [2]
- *GaussianFilter* [2]

En las figuras 9 y 10 se presenta los resultados de la aplicación de algunos filtros de reducción de ruido en imágenes de RM cardiovasculares y cerebrales.



(a)

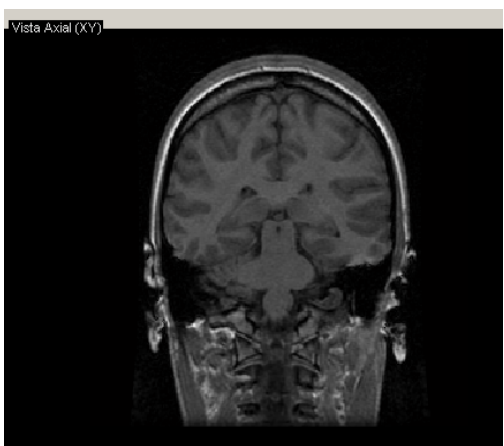


(b)



(c)

Figura 9: Reducción del ruido de una RM cardiovascular. (a) Imagen Original. (b) Imagen (a) con filtro *CurvatureAnsioFilter*. (c) Imagen (a) con filtro *CurvatureAnsioFilter*.



(a)



(b)



(c)

Figura 10: Reducción del ruido de una imagen de RM del cerebro. (a) Imagen Original. (b) Imagen (a) con filtro promedio. (c) Imagen (a) con filtro *CurvatureFlowFilter*.

#### 2.2.4. Realzado de bordes

El borde en una imagen se define como un salto brusco en los valores de intensidad de la imagen e indica las fronteras o líneas de separación entre los distintos objetos presentes en ella. Los bordes de los objetos se ven en la imagen como discontinuidades de ciertas propiedades: Intensidad, color, textura. Las regiones están separadas por bordes que pueden ser detectables a través de diversas técnicas, pero sin un mayor procesamiento no necesariamente extraerá una región de interés [9].

Para el realzado de los bordes se implementaron filtros basados en el gradiente de la imagen. Estos filtros al ser aplicados sobre una imagen en escala de grises, calculan el gradiente de la intensidad de brillo de cada punto (píxel) proporcionando la dirección del mayor incremento posible (de negro a blanco) además calcula el monto de cambio en esa dirección, es decir, devuelve un vector. El resultado muestra qué tan abruptamente o suavemente cambia una imagen en cada punto analizado, y a su vez que tanto un punto determinado representa un borde en la imagen y también la orientación a la que tiende ese borde. En la práctica, el cálculo de la magnitud, da nociones de un borde y ayuda a la separación de regiones homogéneas, lo que resulta más sencillo que la interpretación de la dirección.

En la herramienta se implementaron dos tipos de filtro gradiente: a. Filtro Sobel [9]; b. *GradientMagnitudeImageFilter* [2]. Su aplicación se observa en las figuras 11 y 12.

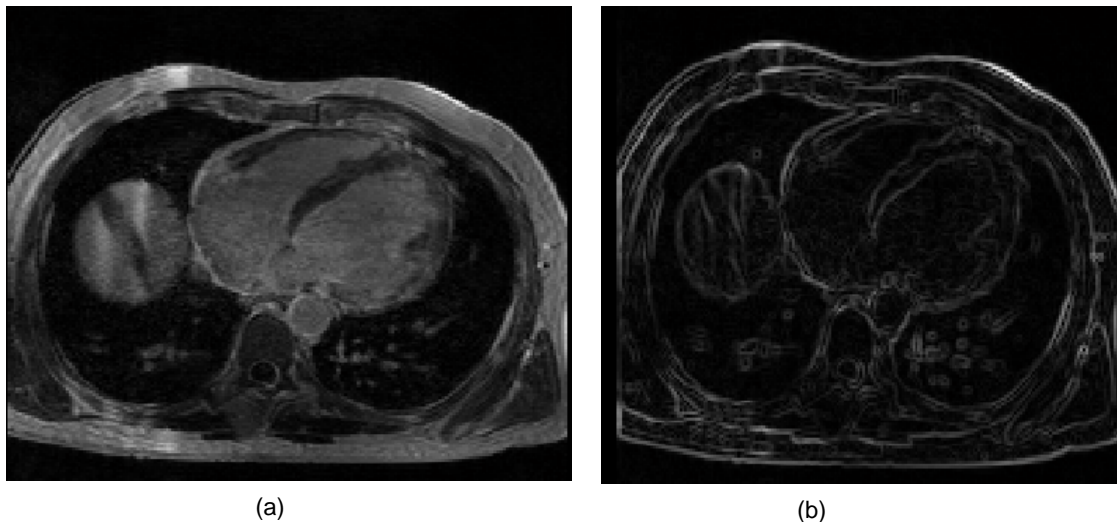


Figura 11: Realzado de bordes en RM cardiovascular. (a) Imagen Original. (b) Detección de bordes en (a) con gradiente Sobel.

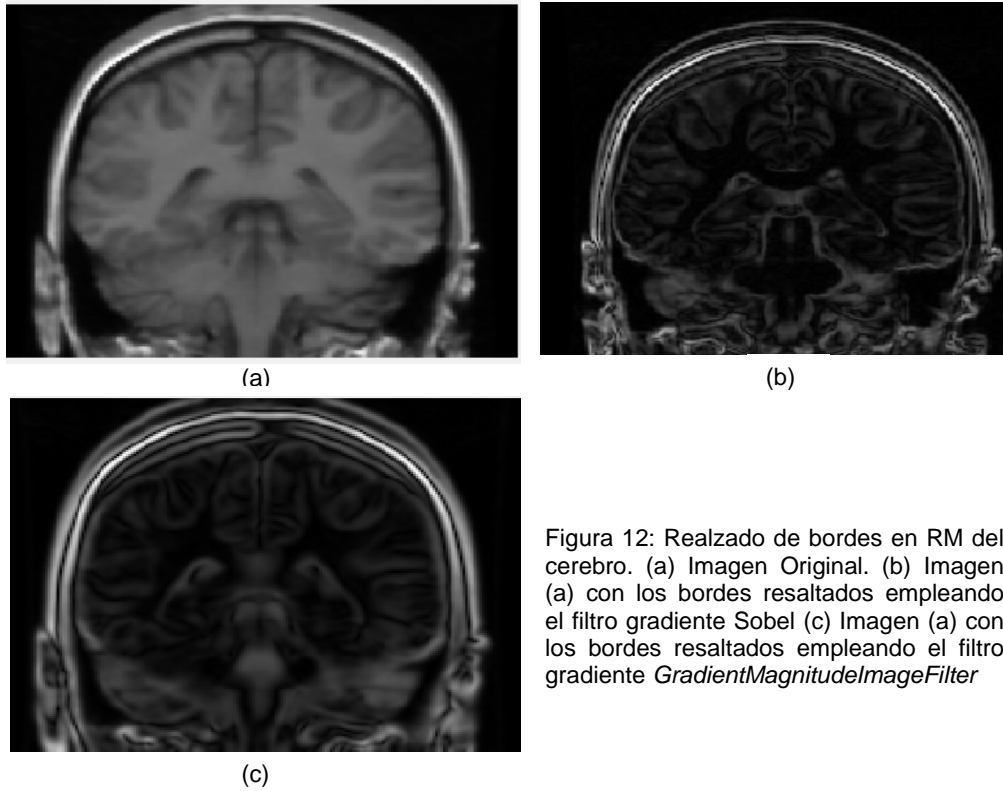


Figura 12: Realzado de bordes en RM del cerebro. (a) Imagen Original. (b) Imagen (a) con los bordes resaltados empleando el filtro gradiente Sobel (c) Imagen (a) con los bordes resaltados empleando el filtro gradiente *GradientMagnitudeImageFilter*

### 2.3. Segmentación

La segmentación es la división de un conjunto de datos en regiones contiguas (sub-volumenes) cuyos elementos miembros (píxeles o voxeles) tienen propiedades de cohesión comunes. Es un paso previo para extraer parámetros cuantitativos, cualitativos y evaluar la morfología y funcionamiento del objeto segmentado.

La segmentación cumple las siguientes propiedades matemáticas: [9].

-  $R_i$  es un conjunto conexo  $i=1, 2, 3, n$ , para toda región adyacente  $R_i$  y  $R_j$

$$-\bigcup_{i=1}^n R_i = R$$

$$-R_i \cap R_j = \emptyset \quad \forall i \neq j$$

$$-Q(R_j) = Verdad, \forall i = 1, 2, \dots, n$$

$$-Q(R_i \cap R_j) = Falso$$

para toda región adyacente  $R_i$  y  $R_j$

$Q$  es el operador lógico definido sobre los píxeles de  $R_i$ .

Los algoritmos de segmentación de imágenes médicas tienen un papel importante en la imagenología médica. Su aplicación incluye la detección de contornos coronarios en angiogramas, cuantificación de lesiones de esclerosis múltiple, simulación y planificación de cirugías, medición del volumen de tumores y su respuesta a terapias,

clasificación automatizada de células sanguíneas, estudio del desarrollo del cerebro, detección de micro calcificaciones en mamografías, entre otras aplicaciones [10].

Los métodos para llevar a cabo el proceso de segmentación varían ampliamente dependiendo de la necesidad específica, tipo de la imagen, y otros factores. Por ejemplo, la segmentación del tejido del cerebro tiene diferentes requerimientos que la segmentación del corazón ó la segmentación de estructuras óseas como la mandíbula ó el fémur.

Se ha comprobado que los métodos que son especializados para aplicaciones particulares pueden obtener mejores resultados tomando en cuenta conocimiento a priori. Sin embargo, la selección de un método apropiado para un problema de segmentación ha resultado una tarea difícil en algunos casos. Debido a que actualmente no existen métodos de segmentación generales que puedan ser aplicados a cualquier variedad de datos y que alcancen resultados aceptables para todo tipo de imagen médica, durante la aplicación de la herramienta se han ejecutado pipelines específicos para cada caso de estudio (ver Sección 3).

Algunas de las técnicas de segmentación de la herramienta se han implementado a través de la integración de librerías ITK [2] y MATITK [3], y otras técnicas han sido desarrolladas en código MATLAB.

Las técnicas implementadas se muestran en la figura 13 y serán comentadas en las siguientes secciones con los resultados obtenidos en imágenes de RM cardiovasculares y cerebrales.

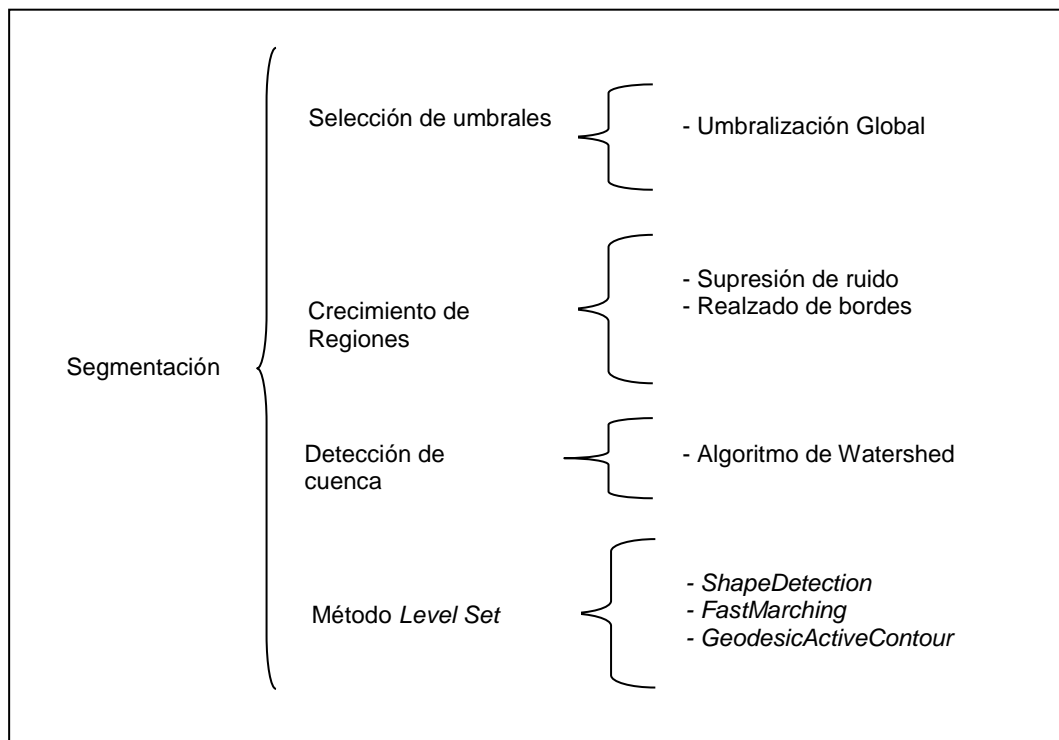


Figura 13: Técnicas de segmentación implementadas en la herramienta.

### 2.3.1. Selección de umbrales

La umbralización es una técnica efectiva para obtener la segmentación de imágenes donde estructuras diferentes tienen intensidades u otras características diferenciables. Algunas de las técnicas de umbralización están basadas en el histograma de la imagen y otras están basadas en propiedades locales como el valor promedio local y la desviación estándar o el gradiente local. Generalmente, la umbralización es el paso inicial de una secuencia de operaciones de procesamiento de imágenes.

La técnica de umbralización implementada es la llamada *global* [9] que es útil cuando se tiene un histograma bimodal para una imagen  $f(x,y)$  donde el objeto puede ser extraído del fondo con una simple operación que compara los valores de  $f(x,y)$  con un umbral  $T$  que puede separar las dos modas del histograma. Una imagen  $g(x,y)$  segmentada a través de umbralización global sería definida como se muestra en la figura 14.

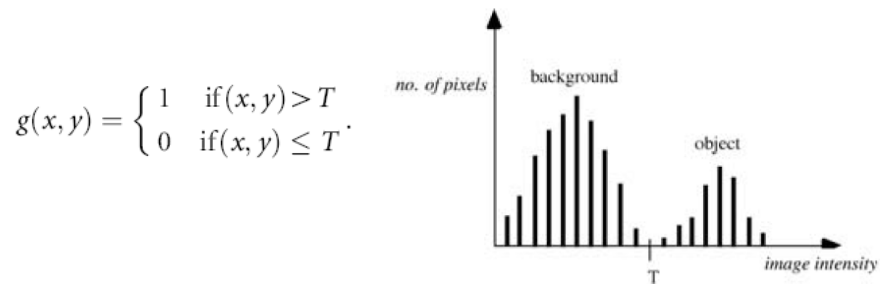


Figura 14: Definición de la técnica de umbralización global

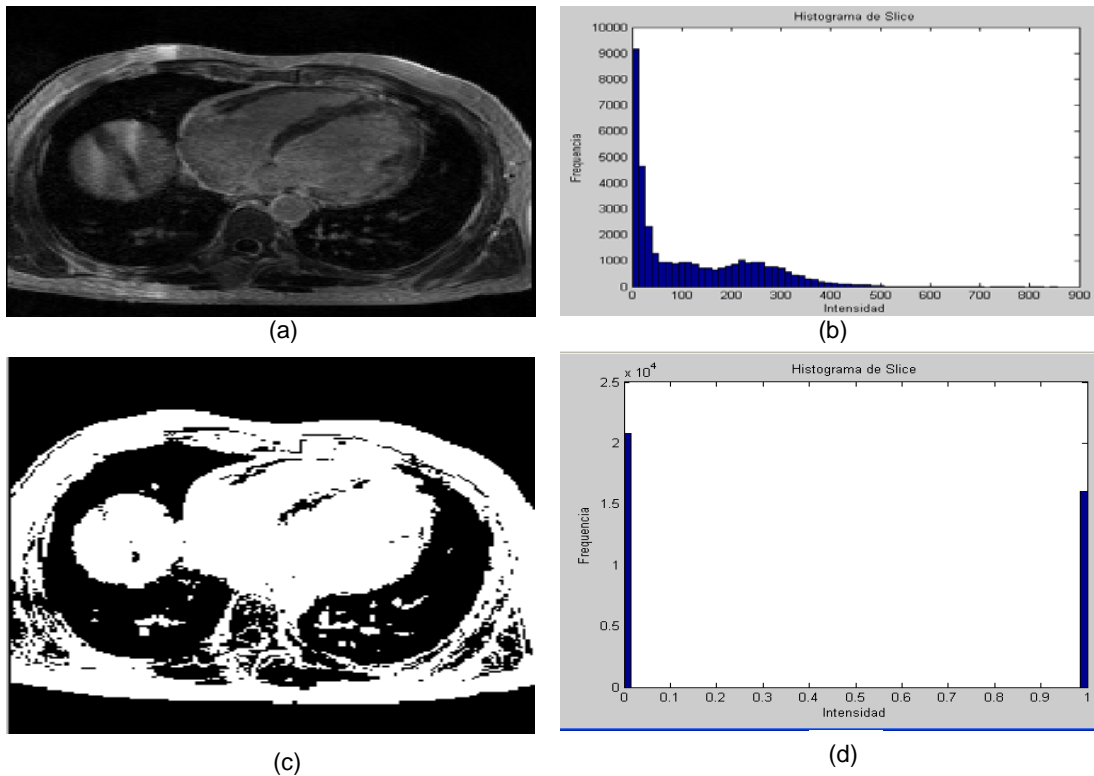


Figura 15: Umbralización Global de una imagen de RM cardiovascular. (a) Imagen Original. (b) Histograma de la imagen original. (c) Imagen Binaria a través de umbral  $t=100$ . (d) Histograma de la imagen binaria.

En el ejemplo de la figura 15, los valores de píxel en la imagen de entrada que son menores a 100, son convertidos a negro, y los píxeles con valores mayores al umbral, son convertidos a blanco.

### 2.3.2. Crecimiento de regiones

El crecimiento de regiones es una técnica muy empleada para extraer regiones de la imagen que están conectadas según cierto criterio predefinido (los objetos a segmentar son regiones con características similares).

En su forma más sencilla, este método se inicia con el establecimiento de una semilla que puede ser un píxel o grupo de ellos seleccionado manualmente por el usuario. En el siguiente paso los píxeles vecinos son examinados y adicionados a la región si son suficientemente similares basados en un test de uniformidad (criterio de homogeneidad como intensidad de gris, promedio, desviación estándar, etc.). El procedimiento continúa hasta que no puedan ser adicionados más píxeles. El objeto segmentado es representado por todos los píxeles que han sido aceptados durante el procedimiento de búsqueda [9].

Esta técnica ha sido implementada en la herramienta y se han obtenido buenos resultados al segmentar regiones con intensidades más o menos homogéneas y en la delineación de pequeñas y simples estructuras como tumores y lesiones.

Una de las desventajas encontradas durante su aplicación fue que por requerir interacción manual para indicar la semilla, su éxito depende de dónde éstas sean colocadas. Asimismo, la región creciente también puede ser sensible al ruido, causando que las regiones extraídas tengan agujeros e inclusive que se desconecten. Para resolver este problema, previamente a estas imágenes se les aplicaron filtros de reducción de ruido y realzado de bordes. Algunos resultados son presentados en la sección 3.

ITK proporciona varias técnicas de crecimiento de regiones, éstas han sido implementadas en la herramienta:

- **Connected Threshold.** En esta técnica *ConnectedThresholdImageFilter* [2], el criterio para decidir si un píxel particular se debe incluir en la región se basa en un intervalo de valores de intensidad *[menor,mayor]* proporcionados por el usuario. El algoritmo incluye los píxeles  $I(X)$  cuyas intensidades se encuentran dentro de este intervalo.

$$I(X) \in [menor, mayor]$$

- **Otsu Segmentation.** Otro criterio para clasificar los píxeles es minimizando el error de las clasificaciones erróneas. En esta técnica *OtsuThresholdImageFilter* [2], el objetivo es encontrar un umbral que clasifica la imagen en dos grupos, el grupo de píxeles por debajo del umbral, y el grupo de píxeles con valor mayor al umbral.

- **Neighborhood Connected.** La técnica *NeighborhoodConnectedImageFilter* [2] es una variante de la técnica *Connected Threshold*. Por un lado, la técnica *Connected Threshold*, acepta los píxeles como parte de la región si sus intensidades se encuentran dentro del intervalo definido por dos umbrales. Por otro lado, *Neighborhood Connected* sólo aceptará un píxel si todos sus vecinos tienen intensidades que caben en el intervalo. El tamaño del vecindario a ser considerado en torno a cada píxel es definido por el usuario. Esta técnica es útil cuando se desea que estructuras pequeñas con menores probabilidades de cumplir el criterio de conexión sean aceptadas en la región.

- **Confidence Connected.** La técnica la *ConfidenceConnectedImageFilter* [2] se basa en cálculos estadísticos sobre la región actual. En primer lugar, el algoritmo calcula la media y desviación estándar de las intensidades de todos los píxeles que figuran actualmente en la región. Todos los píxeles vecinos con valores de intensidad dentro del intervalo son aceptados e incluidos en la nueva región. Esta primera iteración termina cuando no existen más píxeles vecinos que cumplan la condición establecida. Posteriormente, se vuelve a calcular la media y la desviación estándar de todos los píxeles que pertenecen a la actual región. Esta media y desviación estándar define un rango de nueva intensidad que se utiliza para visitar a los vecinos de la región actual y evaluar si su intensidad cae dentro de la gama. Este proceso iterativo se repite hasta que no haya más píxeles a ser añadidos o el número máximo de iteraciones es alcanzado. La siguiente ecuación ilustra el criterio de inclusión utilizado por este algoritmo.

$$I(\mathbf{X}) \in [m - f\sigma, m + f\sigma]$$

Donde  $m$  es el promedio y  $\sigma$  es la desviación estándar de las intensidades de las regiones.  $f$  es un factor definido por el usuario,  $I()$  es la imagen y  $\mathbf{X}$  es la posición del pixel vecino en particular a ser considerado para su inclusión en la región.

- **Isolated Connected.** El algoritmo *IsolatedConnectedImageFilter* [2] es una variante de *Connected Threshold*. En este caso, dos semillas y un umbral bajo son proporcionados por el usuario. La región va creciendo asimilando aquellos píxeles conectados con la primera semilla y no conectados con la segunda. Además, el algoritmo busca un valor de intensidad que sería utilizado como umbral superior para la primera semilla.

En la figura 16 se presenta la segmentación de la materia gris en una RM del cerebro. En este caso se utilizó el algoritmo simple *Connected Threshold* para separar la materia gris de la materia blanca cerebral.

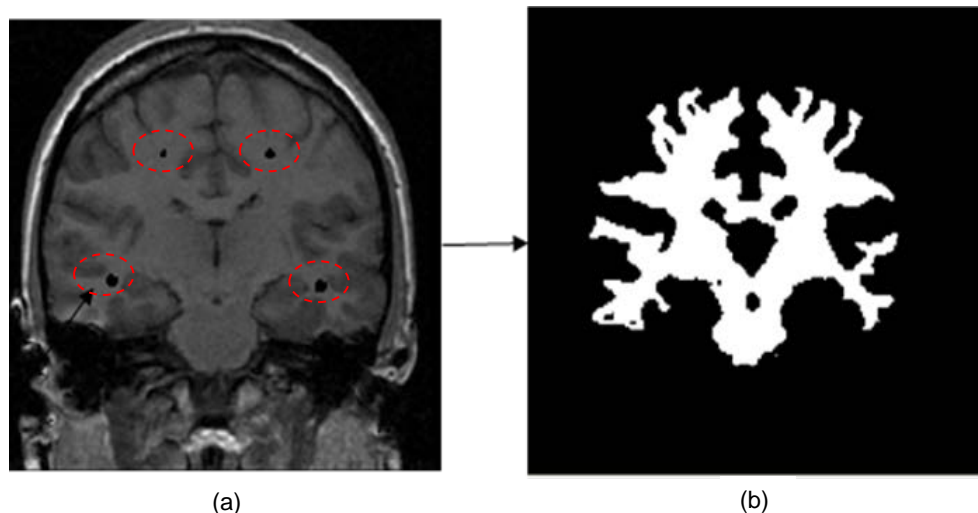


Figura 16: Segmentación de la materia gris del cerebro en MRI. (a) Imagen Original con cuatro semillas señaladas con curvas rojas. (b) Materia gris segmentada en binario obtenida empleando *Connected Threshold*.

### 2.3.3. Detección de cuencas *Watershed*



En este algoritmo de segmentación, la imagen se ve como una superficie topográfica, donde la altura de cada píxel es su valor de gris. Considerando que los objetos de la imagen tienen valores de gris homogéneos podemos asumir que estos objetos existen en mesetas y existen bordes entre dos objetos. Si utilizamos la magnitud de la gradiente de cada píxel en lugar de su valor de nivel de gris, las mesetas corresponden a regiones cóncavas. Si una presa se construye en el borde de un objeto mientras que el agua se llena de abajo hacia arriba, la presa es el límite entre las regiones segmentadas, las cuales son llamadas *cuencas hidrográficas*. Las cuencas hidrográficas son distinguidas por sus propias etiquetas [2][9].

Gráficamente se puede apreciar la representación de este algoritmo en la figura 17.

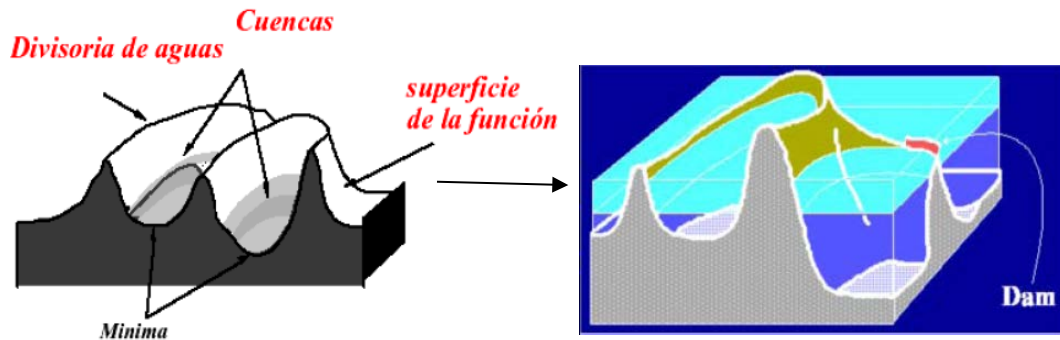


Figura 17: Detección de cuencas "Watershed". Las cuencas hidrográficas son "inundadas" hasta que las aguas de dos cuencas se unan, esta unión que separa las cuencas es denominada *divisorias de agua*. Las divisoras constituyen los bordes de la imagen y las cuencas hidrográficas son los segmentos encontrados.

En la figura 18 se presentan los resultados obtenidos al aplicar el algoritmo *WatershedImageFilter* [2] en una RM cardiovascular. Este algoritmo fue aplicado con la finalidad de segmentar el ventrículo izquierdo con el músculo miocardio, obteniéndose resultados aceptables por la eficiencia de este algoritmo en segmentar regiones grandes y homogéneas. La figura 18 (b) presenta los segmentos o *cuencas hidrográficas* encontradas, éstas fueron coloreadas con diferentes intensidades de gris para su fácil distinción. En la figura 18(c) se presenta una vista 2D del segmento de interés resaltado con color rojo. También se presentan las vistas 3D en dos formas de visualización: Una vista de isocapas empleando un algoritmo desarrollado en MATLAB [1] presentado en la figura 18(d) y una vista en isosuperficies con el algoritmo de VTK [4] que es presentado en la figura 18(e).

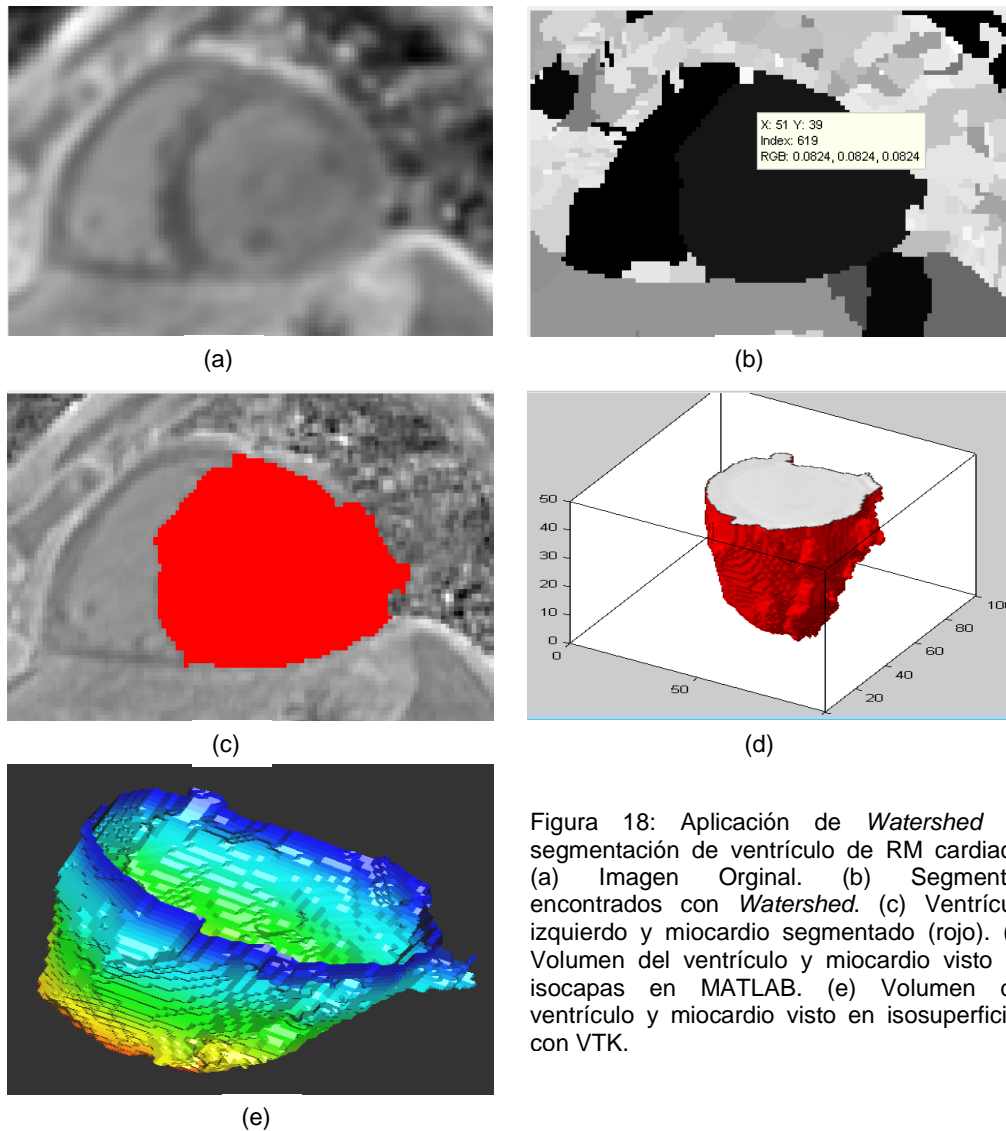


Figura 18: Aplicación de *Watershed* en segmentación de ventrículo de RM cardíaca. (a) Imagen Original. (b) Segmentos encontrados con *Watershed*. (c) Ventrículo izquierdo y miocardio segmentado (rojo). (d) Volumen del ventrículo y miocardio visto en isocaps en MATLAB. (e) Volumen del ventrículo y miocardio visto en isosuperficies con VTK.

El problema encontrado con este algoritmo fue la sobre-segmentación de regiones ocasionado por el ruido presente en las imágenes. Para resolver este problema, es necesario aplicar previamente filtros de atenuación del ruido. El proceso completo de segmentación se presenta en la sección 3.

#### 2.3.4. Método *Level Set*

Esta técnica es ampliamente utilizada en la segmentación de estructuras de forma variable y solapadas con otras, generalmente difíciles de segmentar con las técnicas de segmentación anteriores. Se basa en la aplicación de métodos numéricos para rastrear la evolución de contornos y superficies denominado *snake* sobre la imagen con la finalidad de obtener segmentos. Un *snake* puede ser una curva o superficie que se deforma en dirección de características de interés en la imagen como líneas, bordes, y es controlado a través de una ecuación diferencial.

En ITK, con la finalidad de manipular el contorno, éste es inicializado dentro del conjunto de ceros o *zero level set* de una función dimensional llamada función *level set*  $\psi(\mathbf{X}, t)$ . Esta función es controlada por una ecuación matemática que describe la velocidad de cada pixel sobre el *snake* [2]. En un instante de tiempo, el *snake* actual puede ser obtenido extrayendo el *zero level set*  $\Gamma$  de la siguiente manera:

$$\Gamma((\mathbf{X}), t) = \{\psi(\mathbf{X}, t) = 0\}$$

La figura 19 esquematiza la superficie representada por  $\Gamma$  en un instante de tiempo.

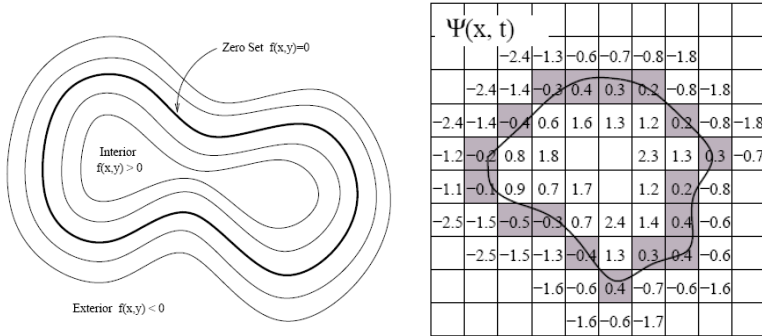


Figura 19. (a) Concepto de zero set en un *level set*. (b) La superficie  $\Gamma$  es representada por la curva negra y los píxeles aceptados son mostrados en gris. Los valores menores y mayores a zero set son excluidos de la región [2].

Para el control de la evolución del *snake*, se consideran las velocidades de propagación y de curvatura, ver figura 20:

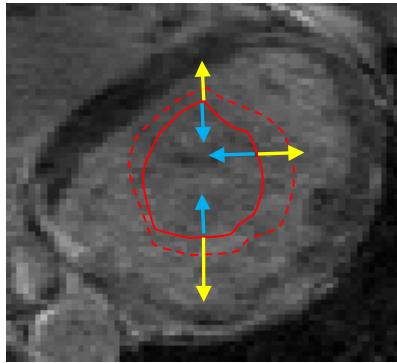


Figura 20. Comportamiento de las velocidades de propagación y curvatura de un *snake*.

- **Velocidad de propagación:** Representada por las flechas amarillas. Depende de las propiedades de la imagen. Es fuerte en aquellas regiones de la imagen que son homogéneas y más débil en las regiones discontinuas.

- **Velocidad de curvatura.** Representada por las flechas azules. Es controlada por la forma del *snake*. Es mayor en los píxeles donde el *snake* es más curvo y menor cuando el *snake* es más recto.

Existe otra velocidad que no actúa directamente sobre la imagen original sino sobre una imagen de bordes obtenida de la imagen original. Esta velocidad es denominada velocidad de advección y es considerada la más crítica porque puede tener un efecto dramático en la calidad de la segmentación. En términos cualitativos, hace que el *snake* se detenga al acercarse a los bordes de la imagen.

En la herramienta se implementaron tres técnicas *Level Set* de ITK, considerando estas tres velocidades .

- **FastMarching** (*itk::FastMarchingImageFilter*). Es la técnica más sencilla. En este caso, utiliza la velocidad de propagación del *snake* que es muy baja en valores de gradiente de la imagen que sean altos, mientras que es más alta en zonas con

gradiente más bajo. Con este criterio, el *snake* se propagará hasta llegar a los bordes de las estructuras anatómicas de la imagen [2].

- **ShapeDetection** (*itk::ShapeDetectionLevelSetImageFilter*). En esta técnica se adiciona un nuevo término basado en la velocidad de curvatura, con ello se realiza un suavizado en áreas con mayor curvatura que se asumen que presentan ruido adicional [2].

A efectos de aplicación de *ShapeDetection*, uno de sus valores de entrada es la imagen obtenida a partir de *FastMarching*, por lo que es utilizada en conjunto con esta técnica y otros filtros adicionales. Esto se verá con ejemplos en la sección 3.

- **GeodesicActiveContour** (*itk::GeodesicActiveContourLevelSetImageFilter*). Esta técnica extiende la funcionalidad de *ShapeDetection* con la adición de otro término que es la velocidad de advección comentada anteriormente [2].

En la figura 21 se presentan los resultados obtenidos al aplicar la técnica *Level Set FastMarching* a una RM cardiovascular con el propósito de segmentar la aorta descendente. Otros resultados son presentados en la sección 3.

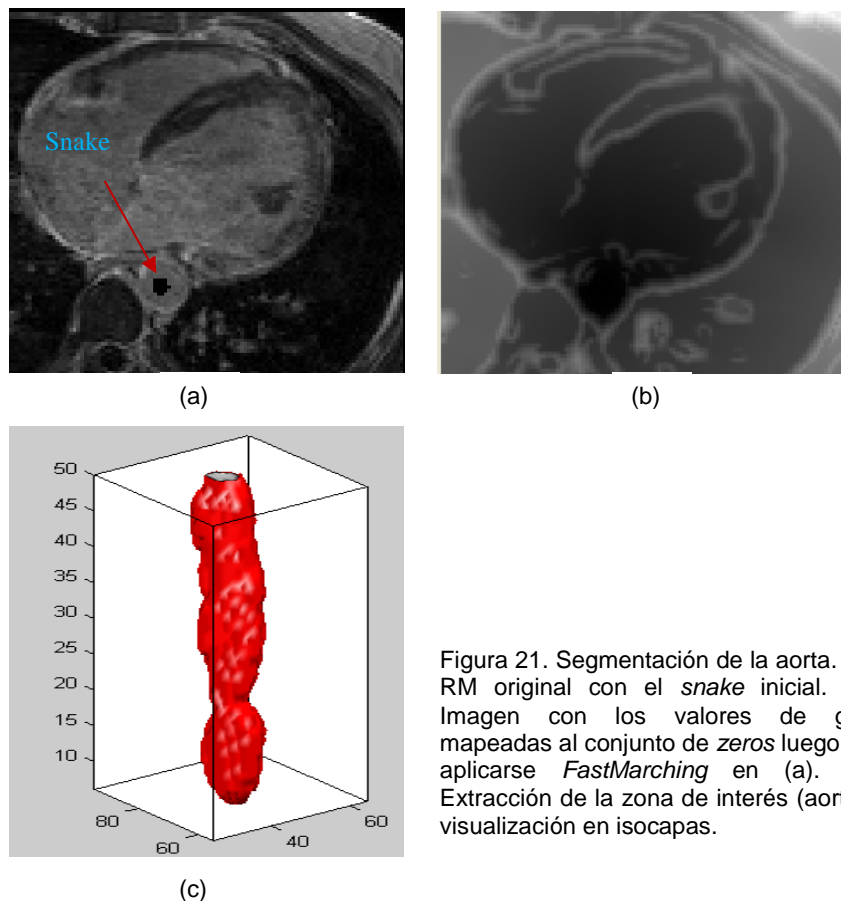


Figura 21. Segmentación de la aorta. (a) RM original con el *snake* inicial. (b) Imagen con los valores de gris mapeadas al conjunto de zeros luego de aplicarse *FastMarching* en (a). (c) Extracción de la zona de interés (aorta), visualización en isocapas.

## 2.4. Visualización.

La visualización en la investigación biomédica tiene un rol muy importante por estar destinada a la elaboración de enfoques y herramientas que permitan a los investigadores y médicos "ver dentro" y comprender los sistemas biológicos que se están estudiando.

La visualización biomédica depende de ambientes computacionales, hardware gráfico y herramientas de software que facilite la interacción humano-máquina-data para la exploración y análisis de tejidos duros, blandos, etc. Los enfoques para la visualización biomédica incluyen la generación de vistas reales para la presentación de imágenes y la información relacionada en 2D, 3D y 4D, el desarrollo de métodos automatizados e interactivos para la manipulación de imágenes multidimensionales y data paramétrica asociada, la implementación de herramientas de medición para evaluación cuantitativa de las imágenes y la data derivada de ellas, y el diseño y la validación de modelos y paradigmas que mejoren la interpretación y la toma de decisiones en las aplicaciones biomédicas. En [10] se presentan diversas aplicaciones en biomedicina relacionadas con el procesamiento de imágenes cardiovasculares y cerebrales, algunas de ellas nos ha servido de guía durante el desarrollo de la herramienta.

Considerando que la visualización médica tiene sus bases en la implementación de interfaces gráficas de usuario que faciliten la selección de parámetros y su modificación para la presentación de los resultados durante el procesamiento de imágenes, en esta herramienta, se ha implementado una interfaz de usuario básica a través del GUIDE de MATLAB, basada en ventanas, menús y áreas gráficas que permiten la visualización de imágenes médicas en 2D y 3D, en formato DICOM, JPEG y BMP; la ejecución de una serie de funcionalidades que acompañan toda la etapa de procesamiento de imágenes; y la comparación de resultados y los parámetros empleados para su obtención.

Las principales funcionalidades de visualización implementadas son:

- Visualización de imágenes 2D: planos originales y cortes multiplanares a lo largo de todo el proceso de filtrado y segmentación.
- Visualización del volumen en sólido y superficie a través de la reconstrucción de cada corte bidimensional en volumen e isosuperficie a través de algoritmos desarrollados en MATLAB y VTK.
- Transformaciones afines: Rotación y escalamiento.
- Visualización de la información de los archivos DICOM: Modalidad y estructura de la imagen, datos del paciente, etc.
- Exportación de los modelos geométricos obtenidos en formato legible por GiD [5]

En las figuras 22 y 23 se muestra dos *screenshots*: la interfaz gráfica principal y la interfaz de segmentación de la herramienta.

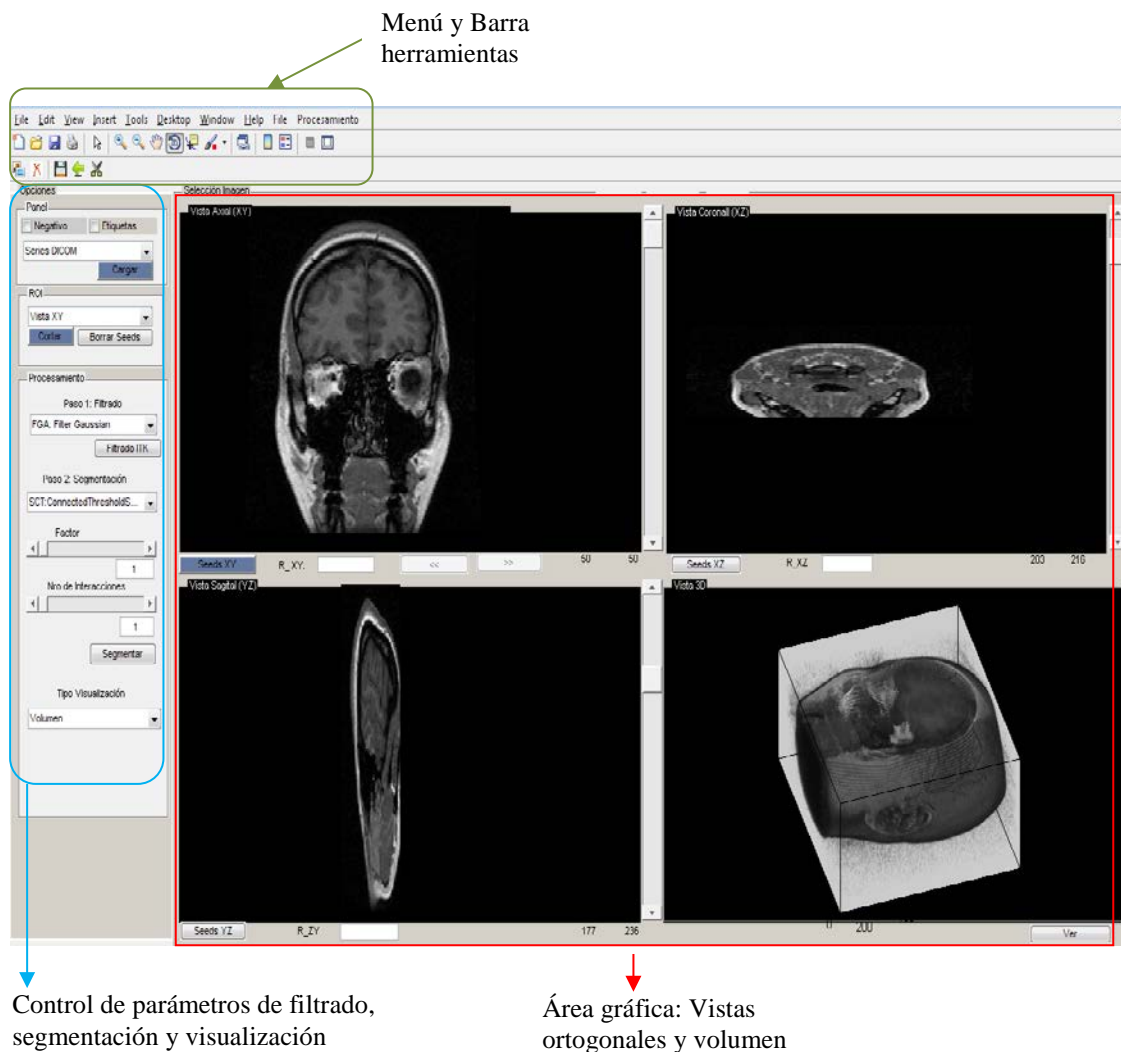


Figura 22. Screenshot de la interfaz principal de la herramienta. Se observa la barra de herramientas, los menús, controles y el área gráfica con las 3 vistas ortogonales y una vista 3d de una RM del cerebro.

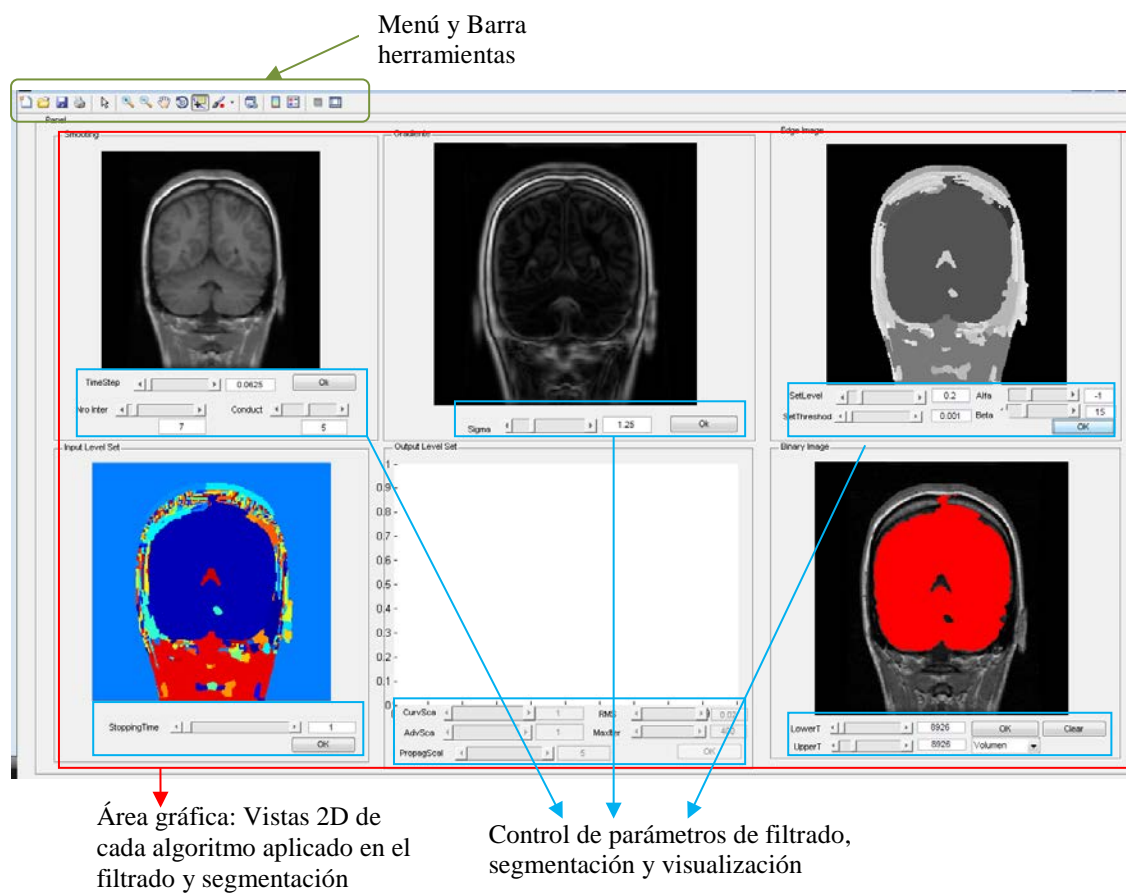


Figura 23. Screenshot de la interfaz de filtrado y segmentación de la herramienta. Se observa la barra de herramientas, los menús, controles y el área gráfica con las vistas de cada proceso implicado en la segmentación *WatershedImageFilter*.

## 2.5. Mallado

Luego del proceso de segmentación, los modelos geométricos segmentados (tejidos, hueso, órganos) son guardados en formato de voxels *.vtk*. Este formato puede ser importado en GiD [5] para su visualización y discretización.

En la figura 24 se observa el resultado de segmentar la materia gris de una RM del cerebro. Este volumen fue obtenido con la herramienta, guardado en formato *.vtk* y importado desde GiD [5] para su visualización con *marching cubes* con iluminación suave.

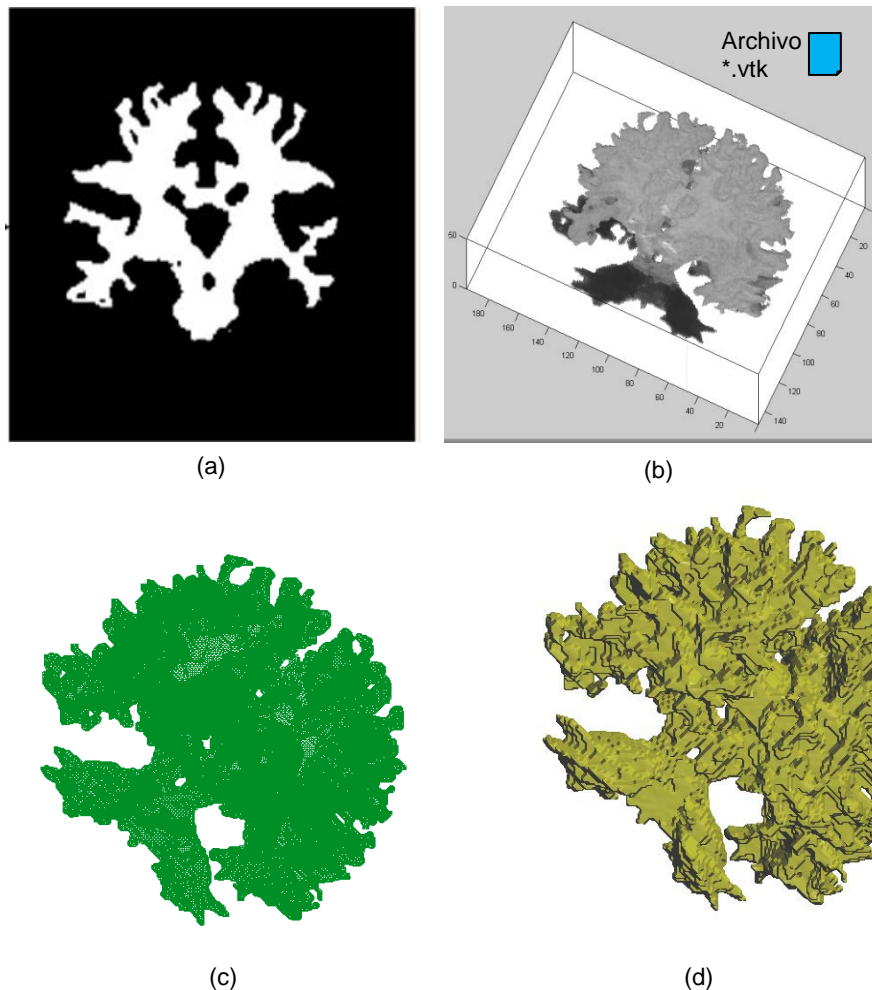


Figura 24. Visualización del mallado de un volumen en GiD. (a) Vista 2D del volumen de la materia gris obtenida de una RM cerebral (b) Volumen en escala de grises obtenido con la herramienta. (c) Visualización marching cubes en GiD. (d) Iluminación suave del volumen en GiD

### 3. Aplicación de la herramienta



Para validar la eficiencia de los algoritmos en el procesamiento y visualización de tejidos duros y blandos, así como el desempeño de la interfaz implementada, se estudiaron tres casos clínicos, que se presentan a continuación.

### 3.1. Cardiopatía isquémica: Infarto Agudo del Miocardio

La cardiopatía isquémica es un conjunto de enfermedades del corazón o cardiopatías cuyo origen radica en la incapacidad de las arterias coronarias (coronariopatía) para suministrar el oxígeno necesario a un determinado territorio del músculo cardíaco, lo que dificulta el funcionamiento de éste. Por ello, el corazón enferma debido a la mala función de las arterias coronarias.

El infarto agudo de miocardio (IAM) es un tipo de cardiopatía isquémica que ocurre usualmente después de la obstrucción completa de una arteria coronaria por el riego sanguíneo insuficiente en una parte del corazón (zona del miocardio) lo que ocasiona daño tisular reflejado en la pérdida de una cantidad variable de miocardio funcional [11].

Posterior al infarto agudo, los médicos requieren determinar la extensión del infarto para ayuda a estratificar el riesgo e identificar tejido viable. Esto es generalmente realizado a través del análisis de la cardiopatía isquémica por Resonancia Magnética Cardiovascular (RMC) que permite conocer la función ventricular de manera cualitativa y cuantitativa. Esta técnica consiste en administrar al paciente un material de contraste endovenoso (Gadolinio) que tiene la propiedad de acumularse en las partes afectadas del miocardio y en consecuencia dar mayor contraste a las zonas de necrosis. Estas zonas resultan "iluminadas" en la imagen, mientras que en las zonas del miocardio sanas se mantiene un color oscuro [12], ver figura 25.

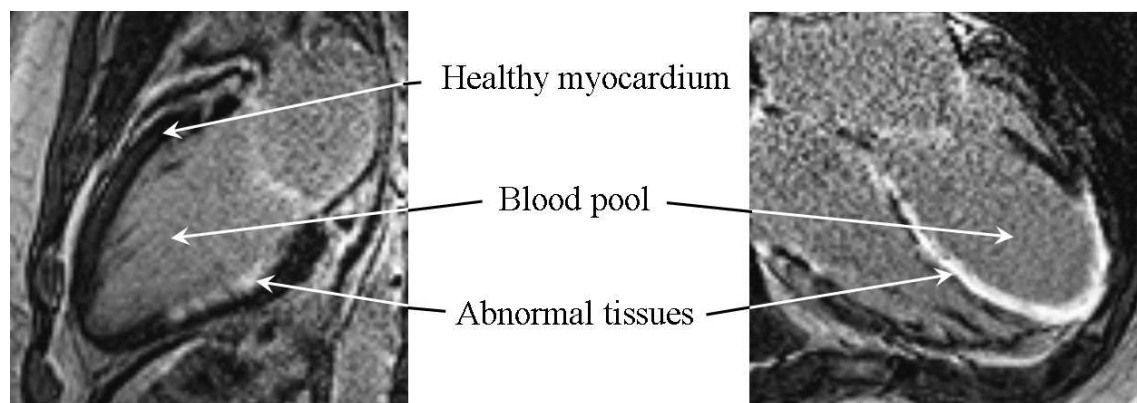


Figura 25. Ubicación de tejido anormal de miocardio en una Imagen de Resonancia Magnética Cardiovascular [12]

Existen publicaciones y productos de software dedicados a procesar imágenes RMC, principalmente orientados a segmentar de forma automática o semiautomática el ventrículo izquierdo. En estos trabajos se observa que el uso de modelos deformables y level set para la segmentación, es una de las técnicas con los resultados más prometedores [12][13][14][15][16].

La herramienta desarrollada ha sido aplicada en el tratamiento de imágenes de RMC, con el fin de visualizar estas patologías y delimitar con exactitud la extensión de la

zona de necrosis y determinar el territorio coronario afectado. Para este fin, se procedió con la segmentación y la obtención del volumen del ventrículo izquierdo, el músculo miocardio y la cicatriz isquémica para un posterior análisis.

La obtención de estos volúmenes resulta útil para la cuantificación automática de la contractilidad regional y global, así como de la perfusión temprana y tardía del ventrículo izquierdo. Asimismo, es útil para realizar automáticamente una clasificación del grado de cardiopatía tras comparar los datos con casos conocidos [17].

**Procesamiento.**

El procedimiento realizado para obtener el volumen del ventrículo izquierdo, miocardio y la cicatriz isquémica a partir RM cardiovascular, consistió en la aplicación de un conjunto de procesos secuenciales, desde la lectura de las imágenes en formato DICOM [7] hasta la visualización final de los volúmenes obtenidos, como se observa en la figura 26.

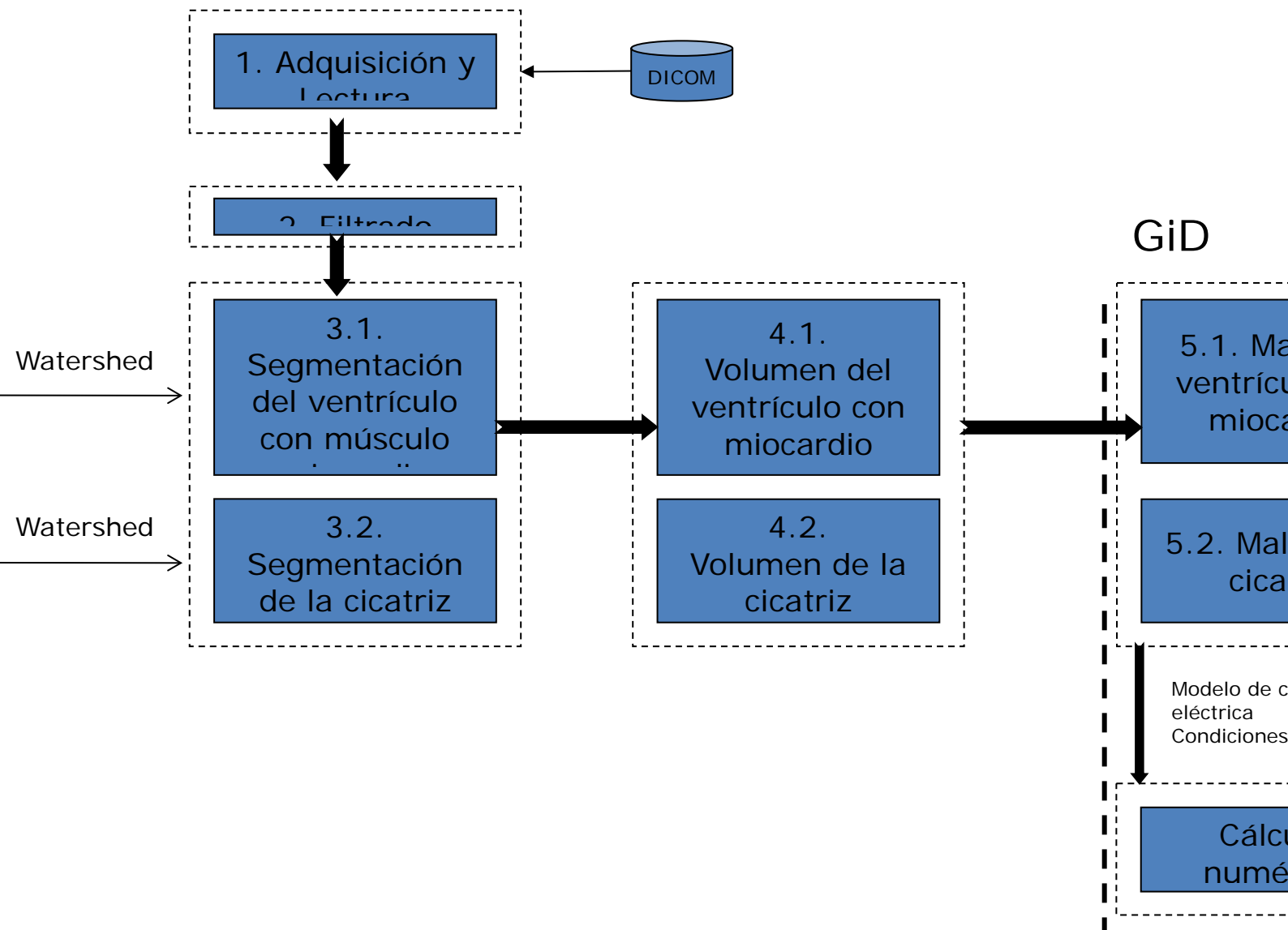


Figura 26. Procesos implicados en la obtención del volumen del ventrículo izquierdo, el miocardio y la cicatriz isquémica

El proceso de adquisición consistió en reconstruir el volumen del corazón a partir de cada corte 2D de RM cardiovascular leídas por la herramienta. Posteriormente se aplicó un ROI (*Region of Interest*) que es un corte tridimensional para obtener el subvolumen de la zona de interés, para efectos de nuestro estudio se recortó la zona del ventrículo izquierdo completo. Las imágenes DICOM originales fueron proporcionadas por el Hospital Clínico de Barcelona, España.

El filtrado fue aplicado para mejorar la imagen antes de la segmentación. Para ello, se aplicó el filtro *CurvatureAnsioFilter* [2] que redujo el ruido presente en la imagen y homogenizó las zonas de interés (ver sección 2.2.3). Posteriormente se aplicó el filtro *GradientMagnitudelImageFilter* [2] para resaltar los bordes (ver sección 2.2.4).

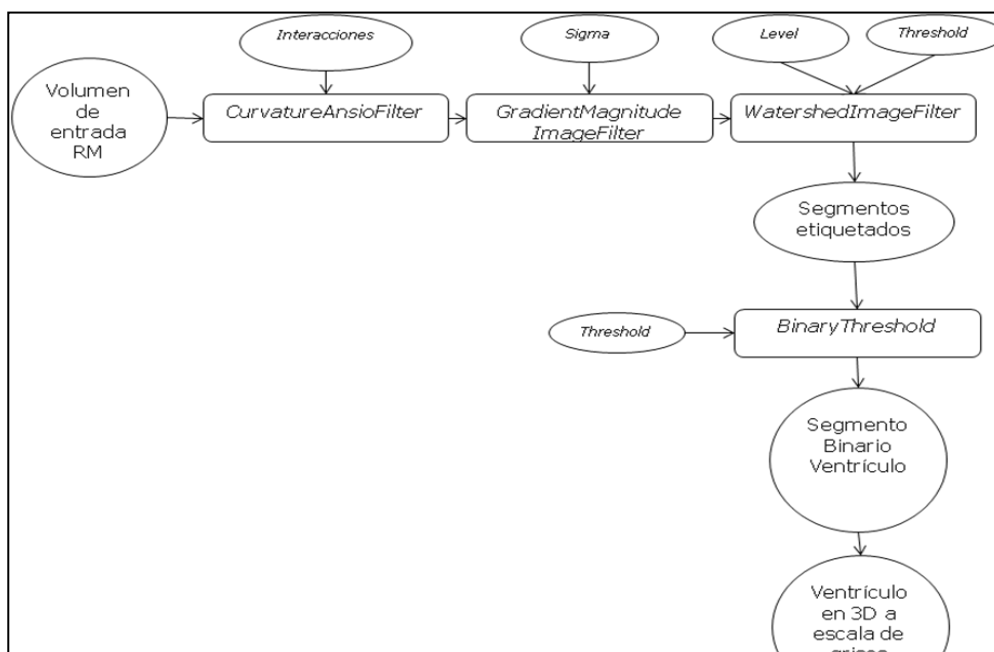
La segmentación se realizó en dos etapas:

Primero, se segmentó el ventrículo izquierdo y el músculo miocardio (aquí se aloja la cicatriz isquémica) empleando la técnica *WatershedImageFilter* (ver sección 2.3.3). Se consideró la utilización de esta técnica con respecto a las otras técnicas implementadas debido a su efectividad en la segmentación de volúmenes grandes y relativamente homogéneos, características que posee la cavidad ventricular izquierda del corazón.

Segundo, se segmentó la cicatriz isquémica empleando la técnica *Level-Set Fast MarchingFilter* (ver sección 2.3.4), a través de *snakes* en forma de burbujas implantadas en la zona de la cicatriz. Esta técnica presentó mejores resultados comparados con Watershed y Crecimiento de Regiones debido a la capacidad de los *snakes* de adoptar la forma de objetos poco simétricos.

La visualización de estos volúmenes, se realizó reconstruyendo tridimensionalmente los cortes 2D obtenidos tras la segmentación. Posteriormente, estos volúmenes fueron guardados en formato \*.vtk e importados desde GiD [5] para la generación del mallado. Alternativamente, se visualizaron los volúmenes con *ParaView* [6] que es un software de código libre desarrollado por *Kitware* para la visualización y análisis de datos.

En las figuras 27 y 28 , se presentan los esquemas de los procesos empleados para el filtrado y segmentación del ventrículo izquierdo con músculo miocardio y cicatriz isquémica, respectivamente.



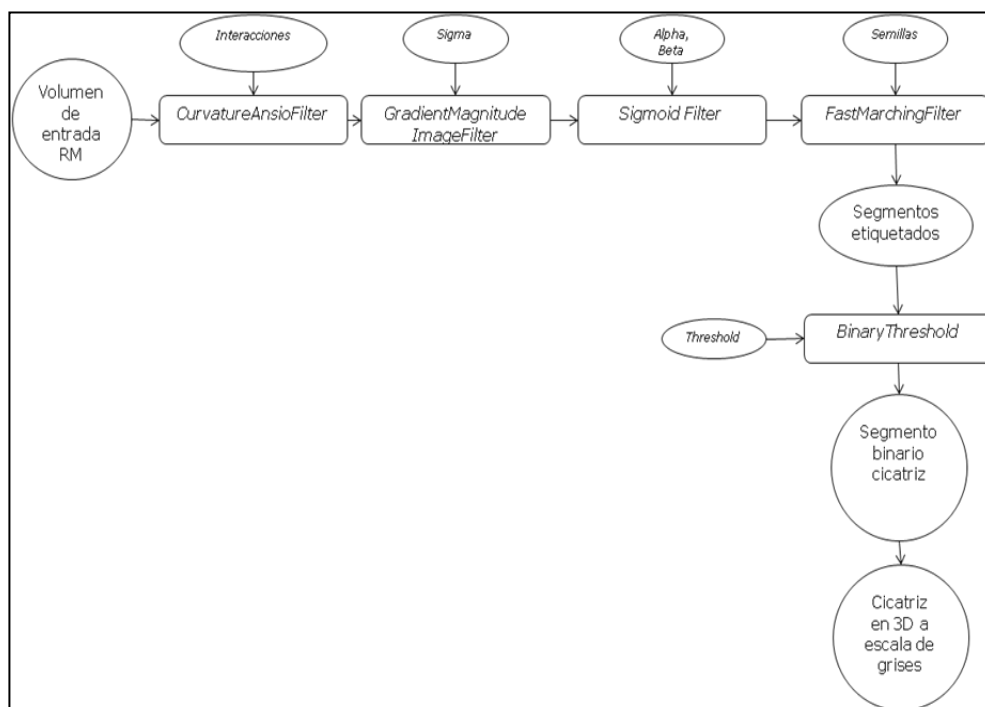
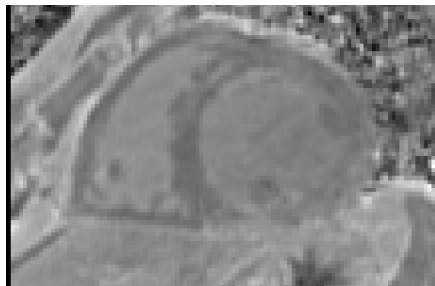


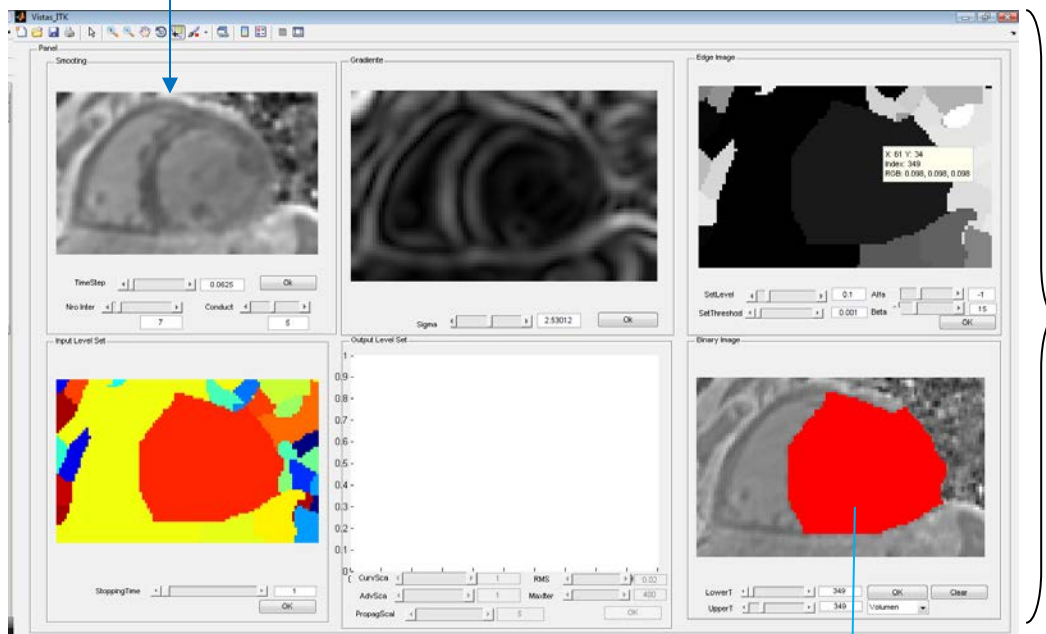
Figura 28. Esquema de los procesos implicados en el filtrado, segmentación y visualización de la cicatriz isquémica.

En las figuras 29 y 30 se presentan los *screenshots* de los procesos aplicados secuencialmente.



Adquisición y lectura

Filtrado



Segmentación Watershed

Visualización

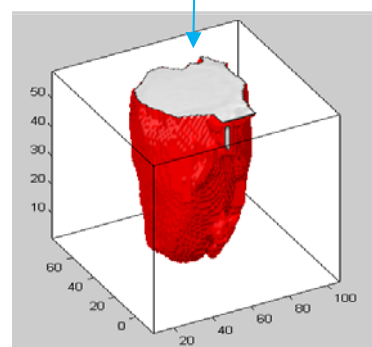


Figura 29. Screenshot del proceso realizado para la obtención del volumen del ventrículo izquierdo con músculo miocardio.

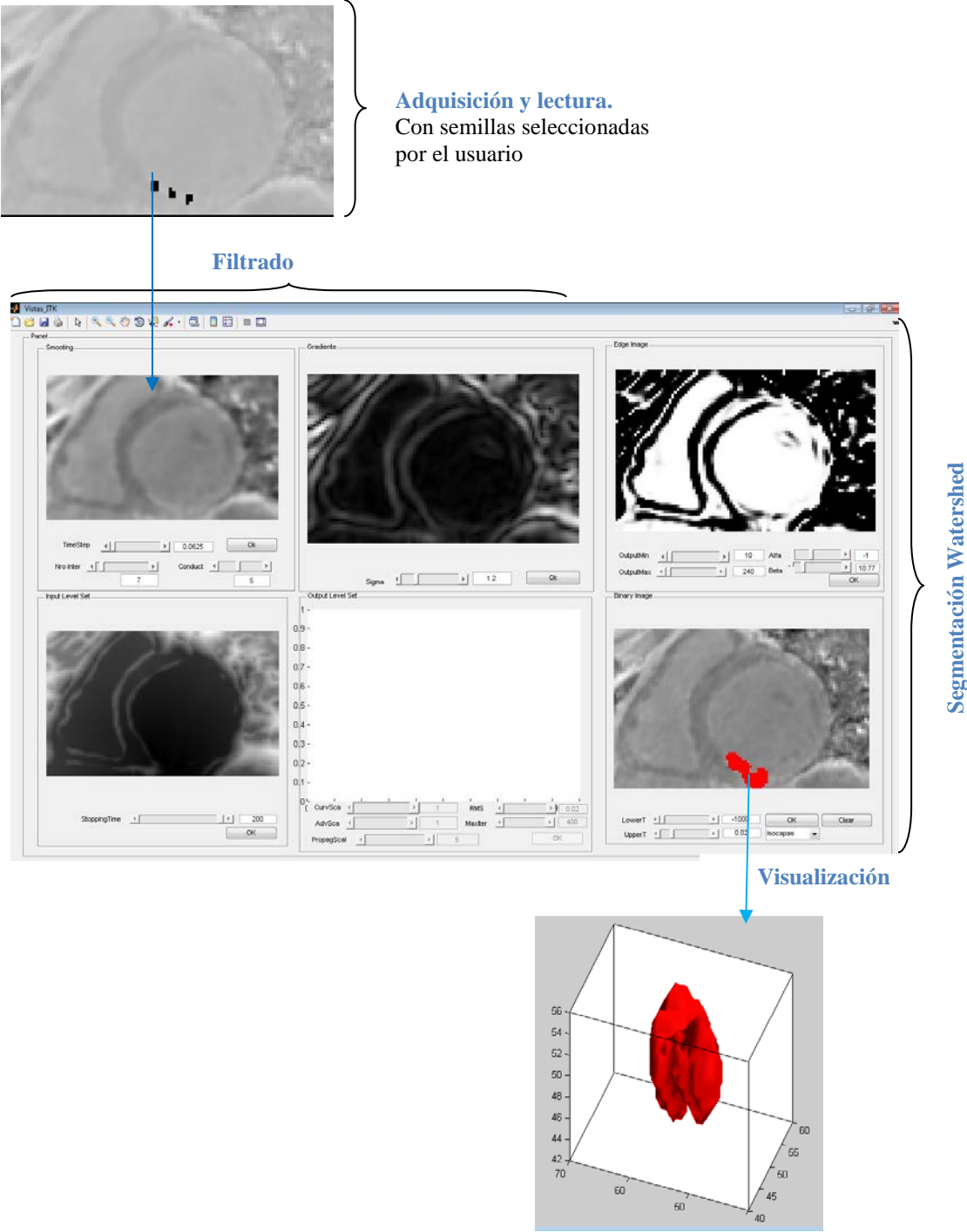


Figura 30. Screenshot de los procesos realizados para localizar y visualizar la posible cicatriz isquémica.

La figura 31, presenta el mallado del ventrículo izquierdo con la cicatriz isquémica generado con GiD [5] y ParaView [6] a partir de los modelos geométricos obtenidos por la herramienta

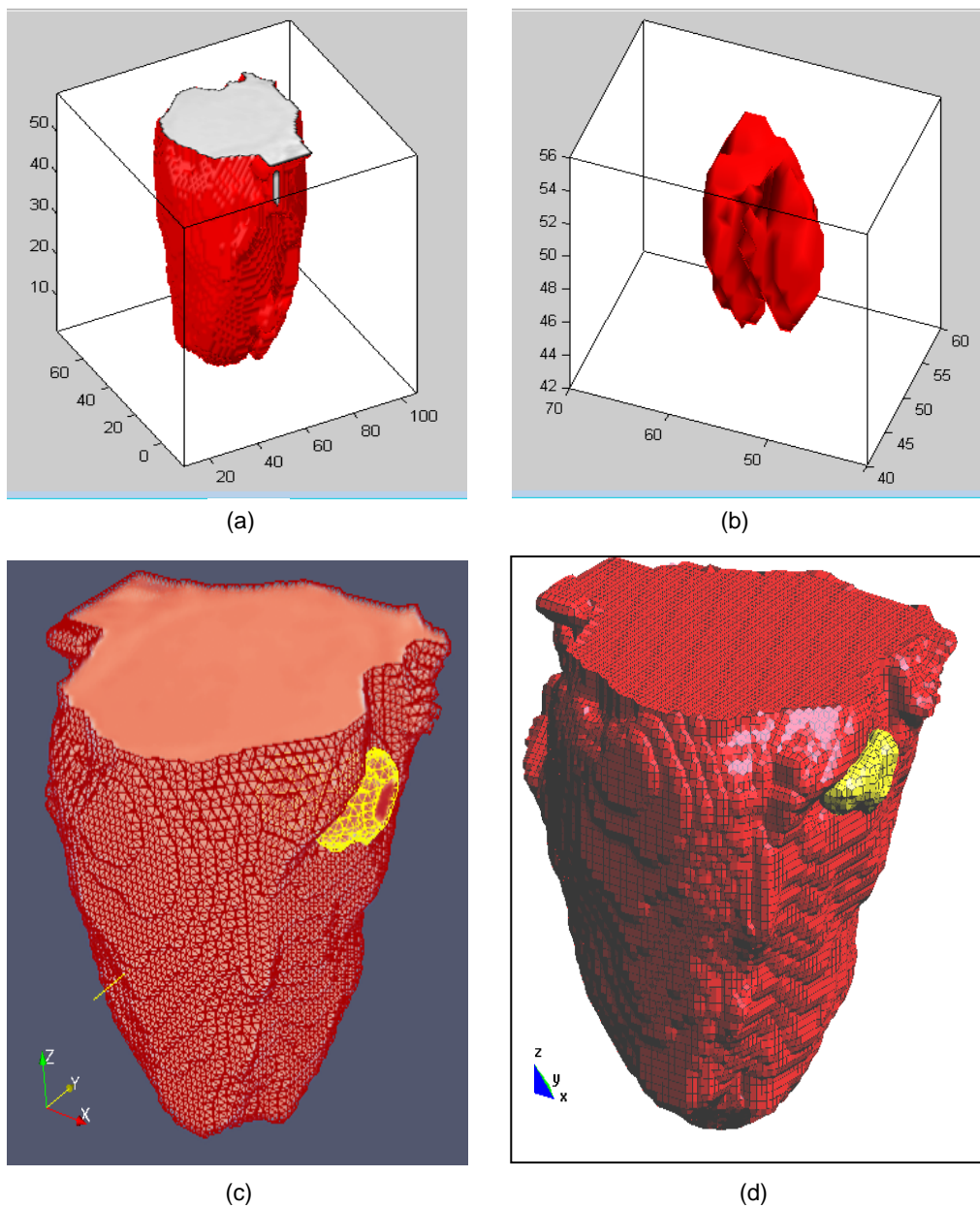


Figura 31. Obtención de Mallado del ventrículo izquierdo con músculo miocardio y posible cicatriz isquémica a partir de los modelos geométricos guardados en formato \*.vtk. (a) Volumen del ventrículo izquierdo con miocardio obtenido por la herramienta. (b) Volumen de la cicatriz isquémica obtenida por la herramienta. (c) Visualización de los volúmenes (a) y (b) en malla utilizando ParaView. (d) Visualización de los volúmenes (a) y (b) en malla de hexaedros e iluminación suave utilizando GiD.

### 3.2. Segmentación de la Mandíbula.

El objetivo de aplicar la herramienta en la segmentación del hueso mandibular fue comprobar la capacidad de los algoritmos implementados en estructuras óseas.

La extracción y reconstrucción del hueso de la mandíbula tiene importantes aplicaciones en biomedicina, algunas de ellas: Estudiar las cargas al colocar implantes simulados y ver cómo se comporta dentro de la mandíbula, hacer modelos esterilograficos para planificar cirugías dónde amerite eliminar segmentos de la mandíbula por tumores agresivos y evaluar de manera progresiva los tratamientos médicos aplicados. En [18], [19] y [20] presentan algunos trabajos de investigación dentro de esta línea.

#### Procesamiento.

El procedimiento realizado para obtener el volumen de la mandíbula consistió en la aplicación de un conjunto de procesos como se observa en la figura 32.

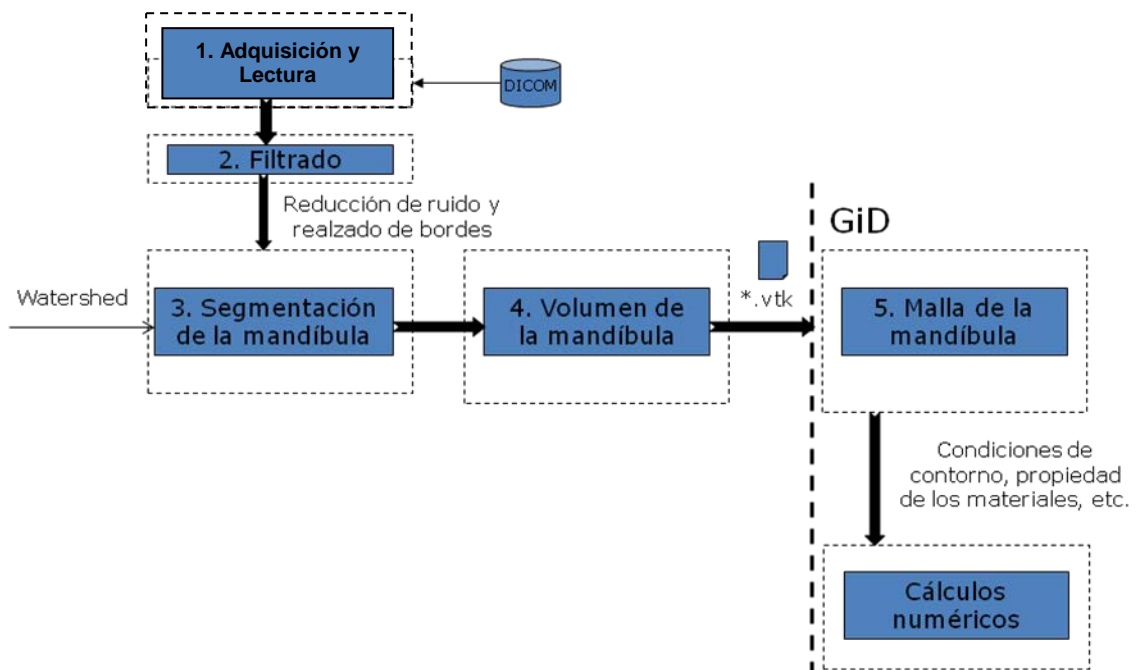


Figura 32. Procesos implicados en la obtención del volumen del hueso mandibular

La adquisición de la data consistió en la lectura de cada sección 2D de la tomografía computarizada y su reconstrucción en un volumen 3D. Posteriormente se definió un ROI para obtener el subvolumen de la zona de la mandíbula.



El filtrado aplicado a este volumen se orientó a reducir ruido y resaltar los bordes del hueso de la mandíbula. El filtro aplicado para la reducción del ruido fue el filtro *GaussianFilter* [2] (ver sección 2.2.3) y para resaltar los bordes se aplicó el filtro para cálculo de gradiente *GradientMagnitudeImageFilter* [2] (ver sección 2.2.4).

La segmentación del volumen de la mandíbula fue realizada con la técnica de *WatershedImageFilter* [2] (ver sección 2.3.3) que resultó ser la más eficiente en la segmentación con respecto a las otras técnicas implementadas.

La visualización del volumen segmentado se realizó a partir de la reconstrucción 3D de las imágenes 2D obtenidas. Posteriormente, estos volúmenes fueron guardados en formato *.vtk* e importados en *GiD* [5] para la generación del mallado. Alternativamente, también se visualizó el volumen de la mandíbula empleando *ParaView* [6].

En la figura 33, se presenta el esquema secuencial de los procesos empleados para el filtrado y segmentación del hueso mandibular.

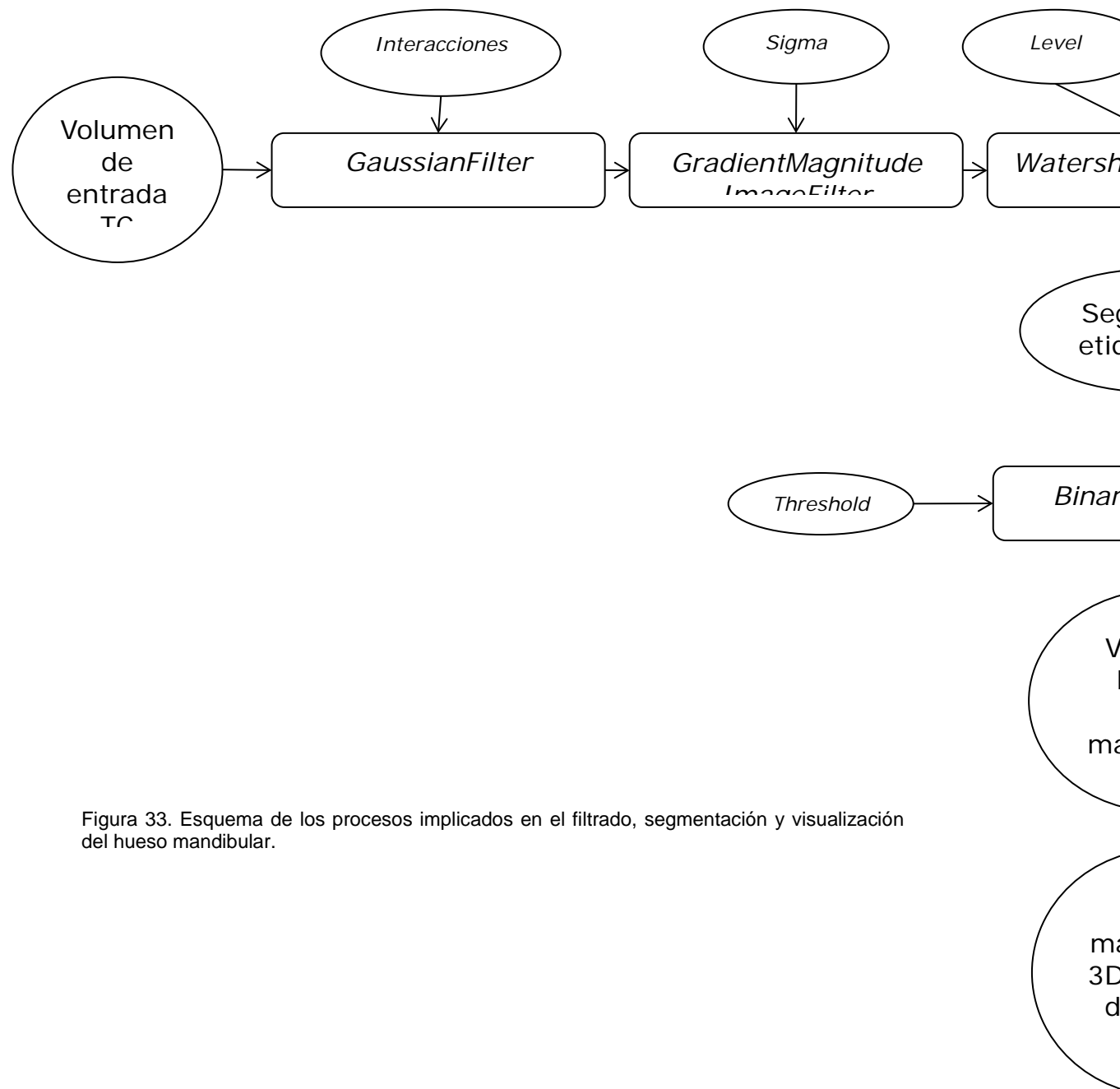


Figura 33. Esquema de los procesos implicados en el filtrado, segmentación y visualización del hueso mandibular.

En la figura 34 se presenta un *screenshot* de los resultados obtenidos por cada proceso.

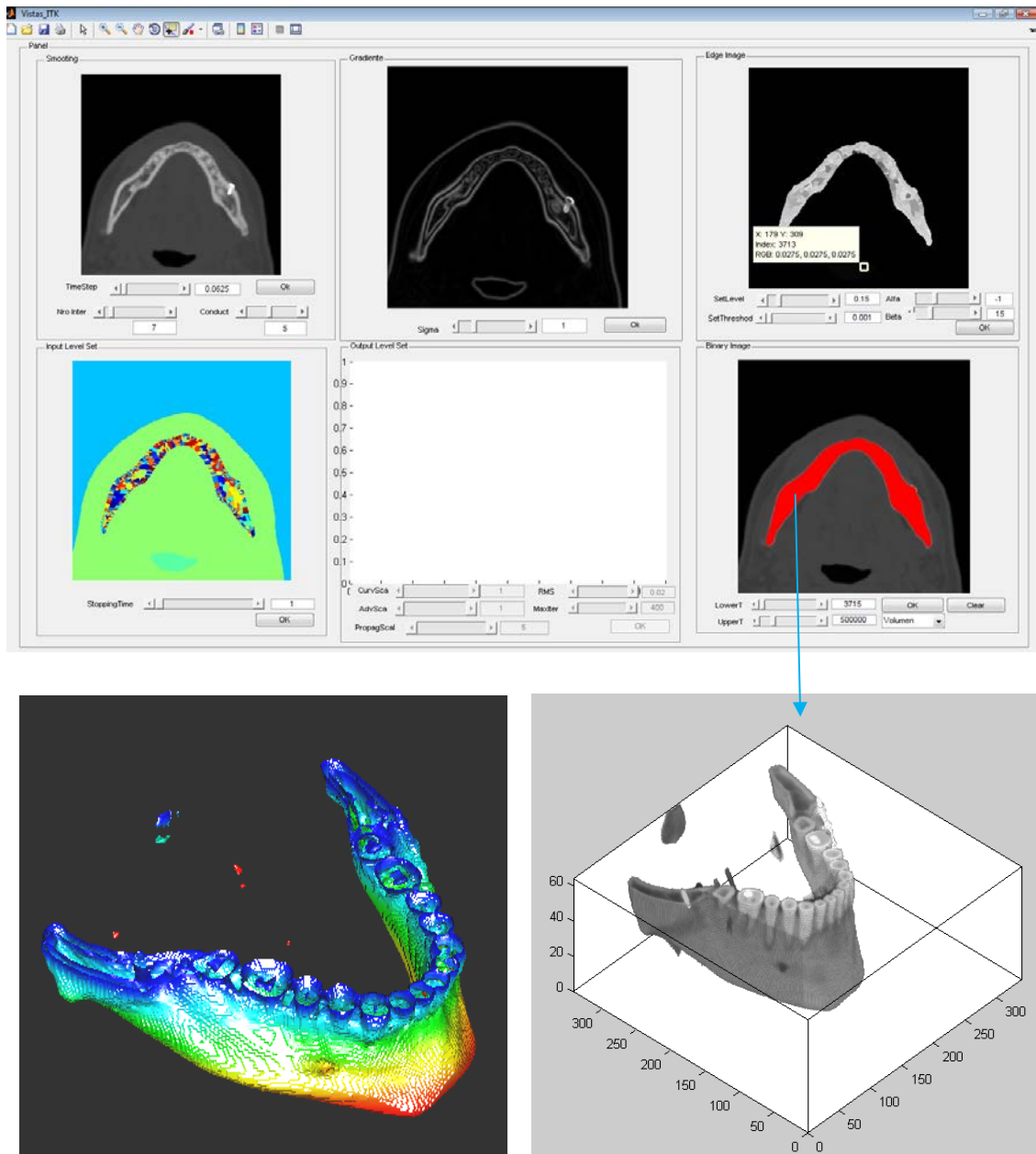


Figura 34. *Screenshot* de los procesos implicados en la reconstrucción de volumen del hueso mandibular. En la imagen se visualiza el volumen obtenido a través de VTK y el volumen visualizado a través de la herramienta en MATLAB

En la figura 35, se observa el volumen de la mandíbula obtenida con el hueso cortical y medular y los alveolos dentarios en diferentes densidades. También se observa un corte de un tornillo de titanio. La visualización fue realizada empleando el software *ParaView* [5]

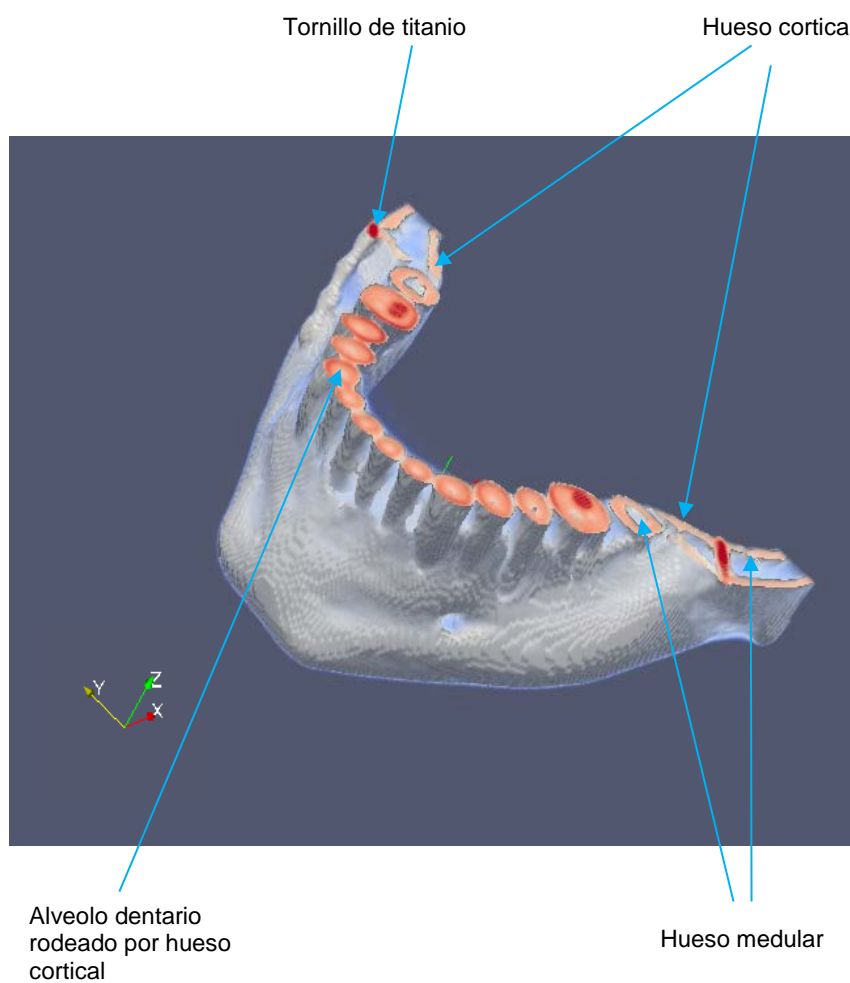


Figura 35. Identificación de partes del hueso mandibular segmentado

En la figura 36, se presenta la malla obtenida en GiD [5] a partir del volumen del hueso mandibular segmentado.

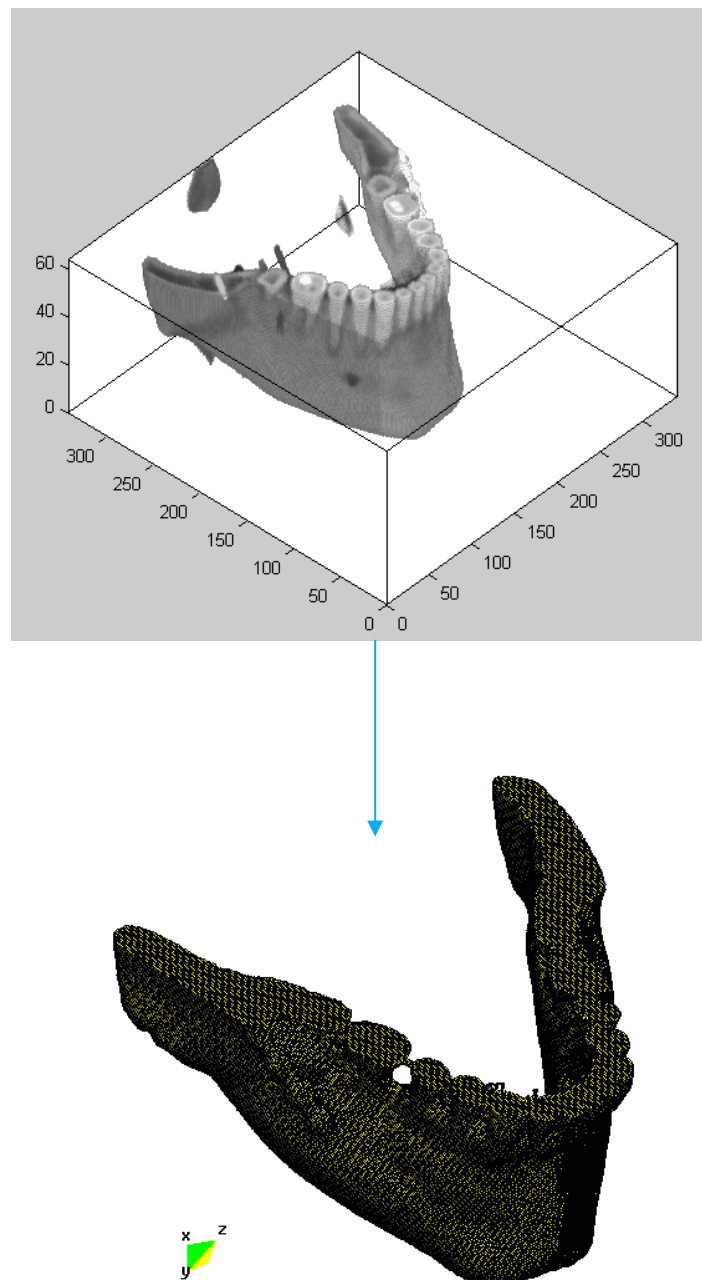


Figura 36. Obtención de Mallado con hexaedros uniformes en GiD [5] del volumen del hueso mandibular.

La reconstrucción del hueso de la mandíbula es de utilidad en diversas aplicaciones biomédicas, principalmente en el estudio y tratamiento quirúrgico de las malformaciones craneofaciales. Algunas de estas malformaciones son tratadas con técnicas de Distracción Osteogénica que se basa en los principios de regeneración ósea y de tensión stress [21][22]. En la figura 37 se esquematiza la aplicación de la técnica de distracción alveolar a partir de un volumen de mandíbula. Las imágenes referidas a la técnica de distracción alveolar corresponden a una tesis doctoral en desarrollo del Instituto Nacional de Bioingeniería (INABIO).

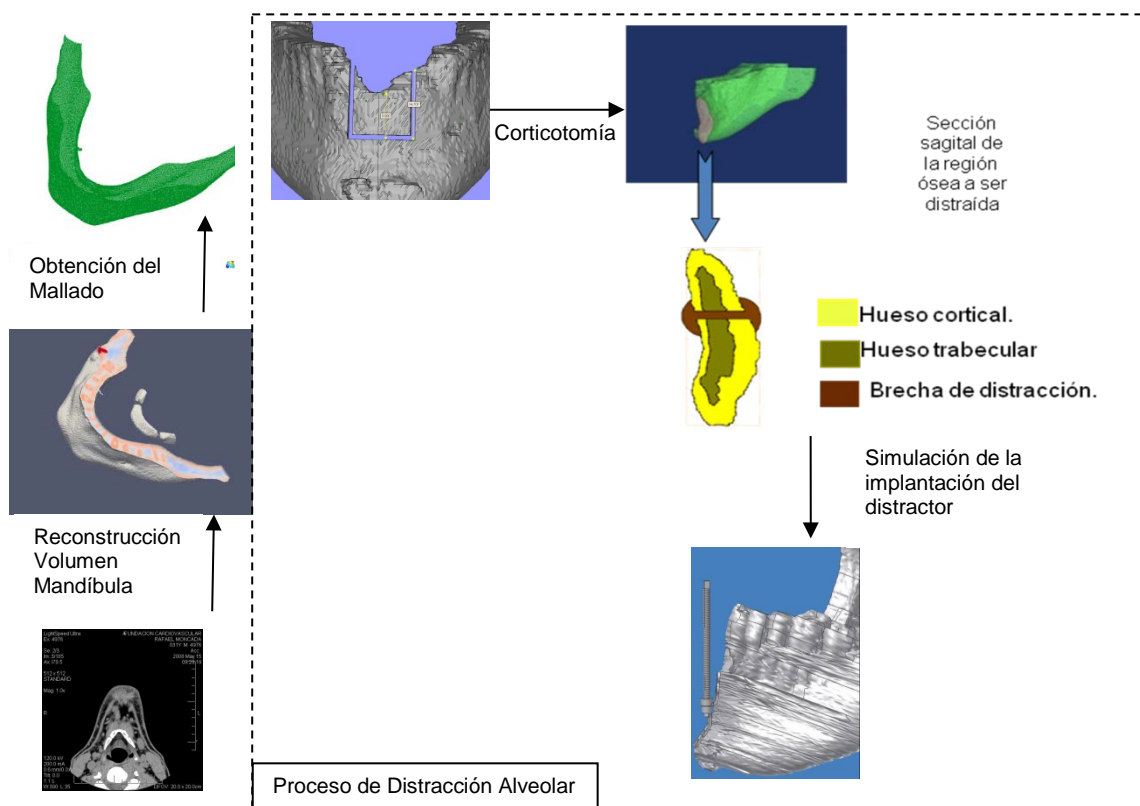


Figura 37. Esquema de la aplicación de la técnica de distracción alveolar a partir de un volumen de hueso de mandíbula. *Cortesía INABIO, tesis Doctoral.*

### 3.3. Detección de zonas sospechosas en mamografía.

La mamografía consiste en la exploración diagnóstica por rayos X de la glándula mamaria para detección de anomalías. Es considerada el principal método de detección precoz de cáncer de mama, ya que permite la identificación del tumor cuando aún no es palpable. En este sentido, la mamografía digital y el análisis automático asistido por ordenador ofrecen nuevas vías de ayuda a los radiólogos. El primer punto clave de un sistema de procesamiento de imágenes de mamografía es la detección automática o semiautomática de zonas sospechosas. En [23][24], los autores han orientado su investigación en preprocesar las imágenes de mamografía y detectar y caracterizar zonas sospechosas a través de técnicas de segmentación y redes neuronales.

Nosotros, hemos dedicado los primeros estudios para la detección de masas presentes en este tipo de imágenes empleando los algoritmos de procesamiento implementados en la herramienta.

#### Procedimiento

Los procesos realizados para la segmentación zonas sospechosas presentes en una mamografía son presentados en la figura 38.

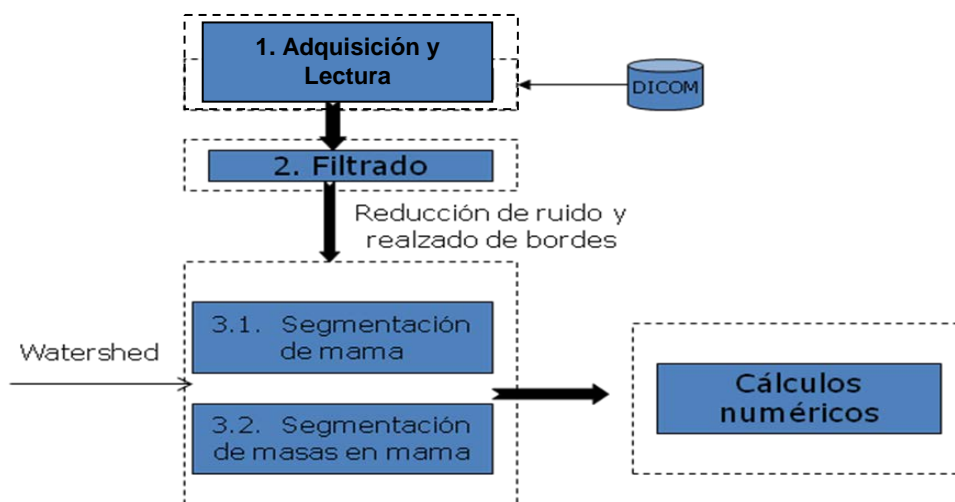


Figura 38. Procesos implicados en la segmentación de masas presentes en una mamografía

El proceso de adquisición se realizó a través de la lectura de una imagen de mamografía en formato DICOM. En este tipo de imágenes no es posible reconstruir volumen porque es una única imagen 2D por vista.

El filtrado aplicado se orientó a reducir ruido y resaltar áreas poco visibles. El filtro aplicado para reducción del ruido fue el filtro *GaussianFilter* (ver sección 2.2.3) y para resaltar áreas se empleó el cálculo de la gradiente a través de *GradientMagnitudeImageFilter* (ver sección 2.2.4).

La segmentación se llevó en dos etapas. Primero se extrajo la glándula mamaria completa del musculo pectoral y del fondo. Posteriormente se segmentaron las masas presentes en las glándulas mamarias. Ambas segmentaciones fueron realizadas con la técnica de *WatershedImageFilter* (ver sección 2.3.3), que resultó ser la más eficiente en la segmentación con respecto a las otras técnicas implementadas.

La visualización de las masas segmentadas se realizó a través de MATLAB [1].

En la figura 39, se presenta el esquema secuencial de los procesos empleados para el filtrado, segmentación y visualización de posibles zonas anómalas determinados sobre mamografía.

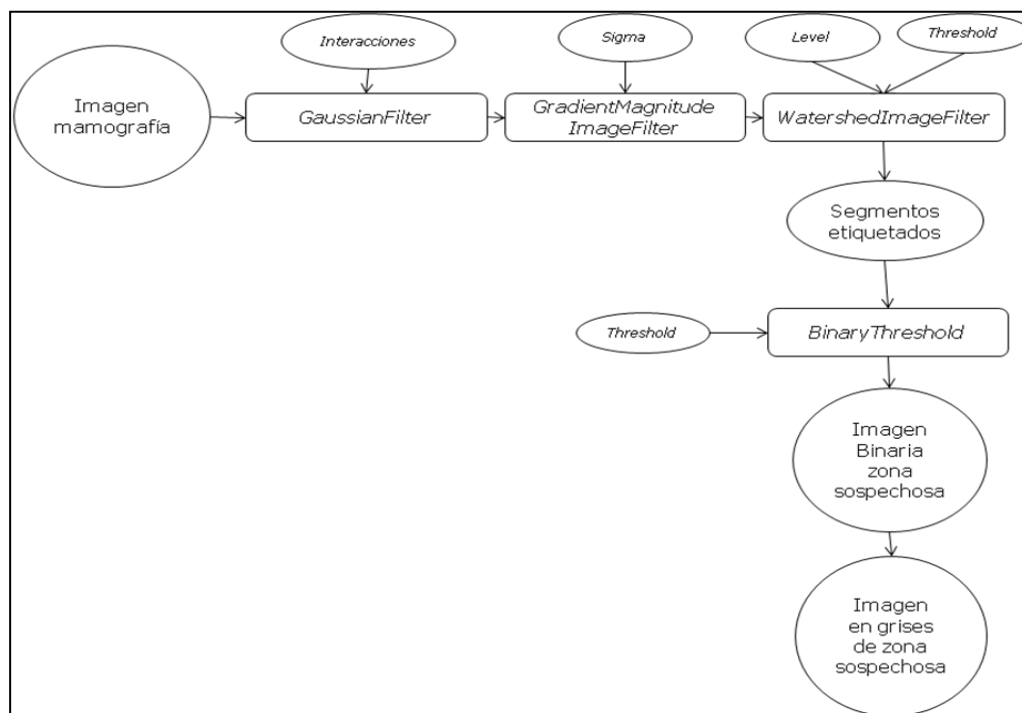
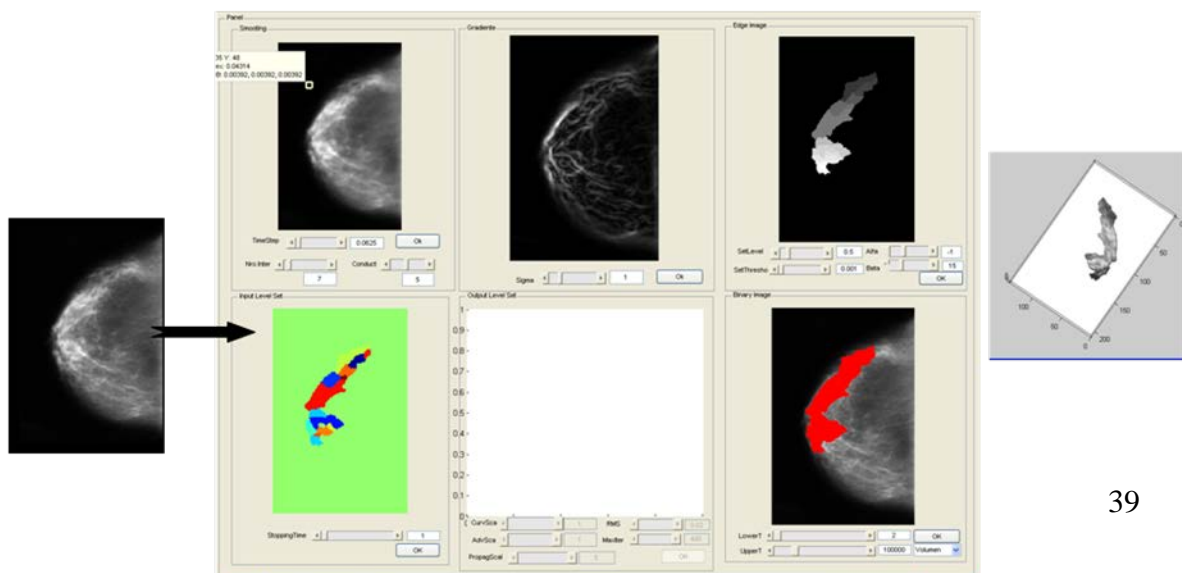


Figura 39 Esquema de los procesos implicados en el filtrado, segmentación y visualización posibles zonas anómalas en mamografías.

En la figura 40, se presenta un *screenshot* de los resultados obtenidos por cada proceso implicado en la detección de zonas en mamografía.



## 4. Conclusiones

La herramienta desarrollada en este proyecto, proporciona un conjunto de funcionalidades que servirán de soporte a los médicos, al facilitarles la visualización y extracción de información cualitativa y cuantitativa de estructuras anatómicas de una manera no invasiva. Asimismo, las disciplinas de la biomedicina dedicadas al modelado y simulación del cuerpo humano y sistemas de prótesis e implantes para tratamiento médico, serán beneficiados con la obtención de modelos geométricos más precisos que consideran las características de complejidad anatómica, ayudándoles en la tarea de discretizar y simular el comportamiento de estas estructuras.

Los objetivos planteados al inicio de este trabajo fueron alcanzados, con lo cual podemos concluir lo siguiente:

- 4.1. Se ha desarrollado una herramienta bajo la plataforma de MATLAB, con una interfaz gráfica de usuario que permite configurar de forma rápida y concisa algoritmos para (a) mejorar la calidad de las imágenes médicas, (b) extraer y visualizar tejidos blandos, duros y patologías de interés y (c) exportar los resultados en formato legible por GiD [5] para la generación de modelos discretos y su posterior análisis con los métodos numéricos.
- 4.2. ITK y VTK proporcionan librerías eficientes que han sido integradas a MATLAB para el pre-procesamiento, la segmentación y visualización de imágenes médicas
- 4.3. MATLAB es un software útil para desarrollar herramientas de prototipado pero presenta la desventaja de sobrecarga de memoria disminuyendo su rendimiento al manejar grandes volúmenes de datos característico de algunas imágenes médicas con gran resolución y tamaño.
- 4.4. Para mejorar el tiempo de procesamiento, la calidad gráfica de los resultados y la ejecución multiplataforma, es necesario migrar las herramientas desarrolladas en nuevos módulos internos a GiD Medical.



## 5. Trabajos Futuros

El procesamiento y visualización de imágenes médicas constituye un mundo amplio y variado de funcionalidades, algunas de las cuales aún no han sido consideradas en la herramienta. Constantemente se vienen desarrollando novedosos algoritmos y técnicas que deben ser considerados, por lo cual, se propone los siguientes trabajos futuros:

- 5.1. Implementar los algoritmos validados en esta herramienta como nuevas funcionalidades de GiD-Medical.
- 5.2. Complementar las funcionalidades implementadas en la herramienta, con el desarrollo de algoritmos propios para el filtrado, segmentación y visualización.
- 5.3. Integrar nuevos algoritmos de filtrado y segmentación de ITK y algoritmos de visualización de VTK.
- 5.4. Añadir nuevos módulos de registro y fusión de imágenes médicas multimodales para mejorar el proceso de segmentación y adquirir información más completa de las estructuras anatómicas obtenidas. El registro de imágenes multimodales permitirá mejorar la visualización de la anatomía y la funcionalidad de ciertas patologías [8]. En la figura 41 se visualizan ejemplos de corrección de imágenes multimodales, se correcciona una imagen de RM cerebral con una PET del cerebro con el fin de visualizar un tumor, de esta manera se obtiene una imagen fusionada PER/RM que proporciona información anatómica y metabólica de las patología.

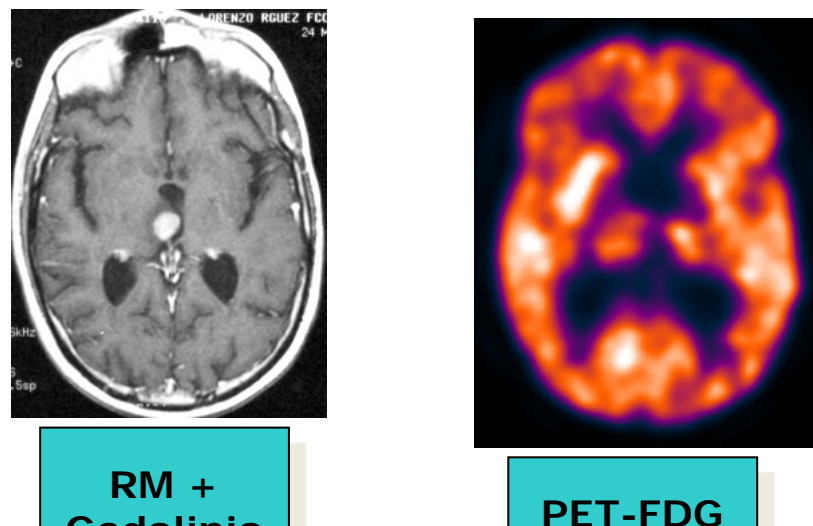
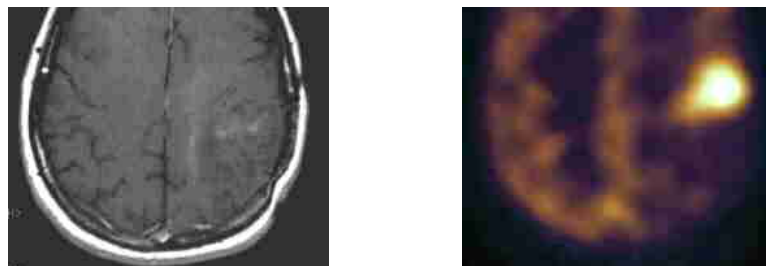


Figura 41. Corrección de imágenes del cerebro multimodales. Se visualiza las imágenes resultantes después de correccionar imágenes de RM con PET, con el fin de obtener información anatómica y metabólica de la patología cerebral.



5.5. Integración de módulos de modelado y simulación numérica para la generación directa de modelos discretos.

5.6. Desarrollo de módulos dedicados al análisis y visualización de patologías específicas.

5.7. Especialización en el tratamiento de imágenes considerando las diversas modalidades de imagenología médica.

#### **Referencia bibliográficas.**

[1] *MATLAB: Matrix Laboratory* (2009). **Image Processing Toolbox™ 6 User's Guide**. Release 2009a. The MathWorks, Inc.

[2] L. Ibañez, W. Schroeder, L. Ng, J. Cates. (2005). **The ITK Software Guide, Second Edition**. Kitware Inc.

[3] V. Chu, G. Hamarneh, S. Fraser. (2009). **MATITK: Extending MATLAB with ITK. Usage Guide**. University, British Columbia, Canada.

[4] **VTK User's Guide. 5th Edition**. Kitware, Inc. 2006

[5] R. Ribó, M. Pasenau, E. Escolano, J. Pérez, A. Coll, A. Melendo, S. González. (2008). **GiD The Personal Pre and Postprocessor. Reference Manual, version 9**. CIMNE.

[6] **ParaView: Parallel Visualization Application. User's Guide, version 1.6**. Kitware, Inc. 2009

[7] **Digital Imaging and Communications in Medicine (DICOM)**. (2008). National Electrical Manufacturers Association.

[8] I. Bankman (2000). **Handbook of Medical Imaging, Processing and Analysis**. Academic Press.

[9] R. Gonzalez and R. Woods (2002). **Digital Image Processing, Second Edition**. Prentice hall.

[10] C. Leondes (2005). **Medical Imaging Systems Technology, Methods in Cardiovascular and Brain Systems**. 5-Volume Set. World Scientific Publishing Co. Pte. Ltd.

[11]. G. Iuliano, G. Di Domenico and G. Dello Iorio (2006). **"Ischemic cardiopathy and other heart disorders: Differences in risk of cerebrovascular disease and in its association with carotid obstruction"**. The Italian Journal of Neurological Sciences. Vol. 9, pp. 467-470. Springer Milan

[12] C. Ciofolo and M. Fradkin (2008). **Segmentation of Pathologic Hearts in Long-Axis Late-Enhancement MRI**. Medisys Research Lab, Philips Healthcare, Suresnes, France

[13] W. Niessen. (1998) **"Geodesic Deformable Models for Medical Image Analysis"**. IEEE Transactions on Medical Image Analysis. Vol. 17, N° 4.

[14] W. Sun, M. Cetin, R. Chan, V. Reddy, G. Holmvang, V. Chandar and A. Willsky (2005). **"Segmenting and Tracking the Left Ventricle by Learning the Dynamics in**

**Cardiac Images**". Massachusetts Institute of Technology, LIDS Technical Report 2642.

[15] N. Paragios (2002). "**Variational Methods and Partial Differential Equations in Cardiac Image Analysis**". Ecole Nationale des Ponts et Chaussees. France.

[16] M. Lynch, O. Ghita and P.F. Whelan (2006). "**Left-ventricle myocardium segmentation using a coupled level-set with a priori knowledge**". Computerized Medical Imaging and Graphics Journal. Vol. 30-4, pp. 255-262. Elsevier.

[17] M. De Filippo , P. Julsrud, P. Araoz, M. De Blasi, G. Agnese, U. Squarcia, D. Ardissino, C. Beghi, T. Gherli, N. Sverzellati and M. Zompatori (2006). "**MRI evaluation of myocardial viability**". La Radiologia Médica. Volume 111, Number 8. pp 1035-1053. Springer Milan

[18] David William Bullock (1999). "**Computer Assisted 3D Craniofacial Reconstruction**". University of British Columbia.

[19] P. Claes, D. Vandermeulen, S. de Greef, G. Willems , P. Suetens (2006) "**Craniofacial reconstruction using a combined statistical model of face shape and soft tissue depths: Methodology and validation**". Katholieke Universiteit Leuven, Faculties of Engineering and Medicine, Belgium.

[20] J. Isaza, S. Correa (2007). "**Metodología para la reconstrucción 3D de estructuras craneofaciales y su utilización en el método de elementos finitos**". IV Latin American Congress on Biomedical Engineering 2007, Bioengineering Solutions for Latin America Health. Springer Berlin Heidelberg. Vol. 18, pp 766-769.

[21] N. Saulacic , P. Gándara, M. Somoza, A. García (2004). "**Distracción osteogénica del reborde alveolar**". **Revisión de la literatura**. Medicina Oral, Patología Oral y Cirugía Bucal 2004; 9, pp. 321-327.

[22] B. Baker, S. Gibbons, M. Woods (2003). "**Intra-alveolar distraction osteogenesis in preparation for dental implant placement combined with orthodontic/ orthognathic surgical treatment: A case report**". Australian Dental Journal 2003;48:(1), pp. 65-68

[23] A. Malagelada (2007). "**Automatic Mass Segmentation in Mammographic Images**". Universidad de Girona, España.

[24] R. Gupta, PE Undrill (1995). "**The use of texture analysis to identify suspicious masses in mammography**". Department of Bio-Medical Physics & BioEngineering, University of Aberdeen, Scotland.